

Brasília, 26 de julho de 2022

INFORME Nº 20 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

No período entre 01 de abril de 2022 a 22 de junho de 2022, 382 amostras clínicas positivas para SARS-CoV-2 foram submetidas à sequenciamento de genoma total no equipamento ISeq (Illumina) (72/382; 19%) e dispositivo MinION (Oxford Nanopore Technologies) (310/382; 81%) no Laboratório de Bioinformática Aplicada a Microbiologia Clínica (LABIOMIC), na Universidade Federal de Santa Maria. As amostras são oriundas de laboratórios públicos e privados localizados no município de Santa Maria/RS que prestam serviço de diagnóstico de SARS-CoV-2 por reação de transcrição reversa seguida de PCR em tempo real (RT-qPCR).

Os dados obtidos no sequenciamento foram analisados na ferramenta *online* *Nextclade* (disponível em: <https://clades.nextstrain.org/>) para determinação da linhagem do vírus. Os resultados encontrados foram: linhagem Ômicron (381/382; 99,7%), das seguintes sublinhagens: BA.2 (266/382; 69,6%), XAG recombinante (31/382; 8,1%), BA.1.1 (18/382; 4,7%), BA.5.2.1 (17/382; 4,5%), BA.4 (15/382; 3,9%), BA.4.1 (6/382; 1,6%), BA.2.56 (6/382; 1,6%), BA.2.12.1 (3/382; 0,8%), BA.2.9 (3/382; 0,8%), BA.5.1 (3/382; 0,8%), XAB recombinante (2/382; 0,5%), BA.1.14.2 (2/382; 0,5%), BA.1.15 (2/382; 0,5%), BA.2.65 (2/382; 0,5%), BA.1 (1/382; 0,3%), BA.2.10 (1/382; 0,3%), BA.2.3 (1/382; 0,3%), BA.2.71 (1/382; 0,3%), XQ recombinante (1/382; 0,3%) (Gráfico 1). Também foi identificada linhagem recombinante XS (1/382; 0,3%) (Gráfico 1).

Para confirmação dos resultados, foi realizada a geração da árvore filogenética dos genomas obtidos na ferramenta *online* *Nextclade* (disponível em: <https://clades.nextstrain.org/>) (Figura 1).

A vigilância genômica, que vêm sendo realizada pelo laboratório desde maio de 2021, demonstrava predominância absoluta da variante de preocupação Ômicron desde a primeira semana epidemiológica do ano de 2022. Salienta-se o aparecimento de

linhagens recombinantes XAG na semana epidemiológica 21 (22 de maio a 28 de maio de 2022) e XF na semana epidemiológica 23 (05 de junho a 11 de junho de 2022) e XAB na semana epidemiológica 24 (12 de junho a 18 de junho de 2022) (Gráfico 1). Ainda, foram detectadas as sublinhagens BA.4 (primeira detecção na semana epidemiológica 21- 22 de maio a 28 de maio de 2022), BA.4.1 (primeira detecção na semana epidemiológica 22- 29 de maio a 04 de junho de 2022), BA.2.12.1, BA.5.1 e BA.5.2.1 (primeira detecção na semana epidemiológica 23- 05 de junho a 11 de junho de 2022).

As informações trazidas neste informe demonstram mudanças no aparecimento de sublinhagens de SARS-CoV-2 que podem ter impacto na epidemiologia da COVID-19. Os dados gerados podem embasar autoridades sanitárias na tomada de decisões à respeito de medidas de prevenção e controle da doença, salientando a importância da constante vigilância genômica do vírus, sobretudo a nível local, em que o tempo de resposta pode ser reduzido devido à logística.

Todos os dados estão disponibilizados em bases de dados públicos nacionais (Corona-Ômica.BR- MCTI) e serão submetidos à bases de dados internacionais como GISAID.

Gráfico 1- Frequência de linhagens e sublinhagens de SARS-CoV-2 encontradas em diferentes semanas epidemiológicas que compreendem o período de 01 de abril de 2022 a 22 de junho de 2022

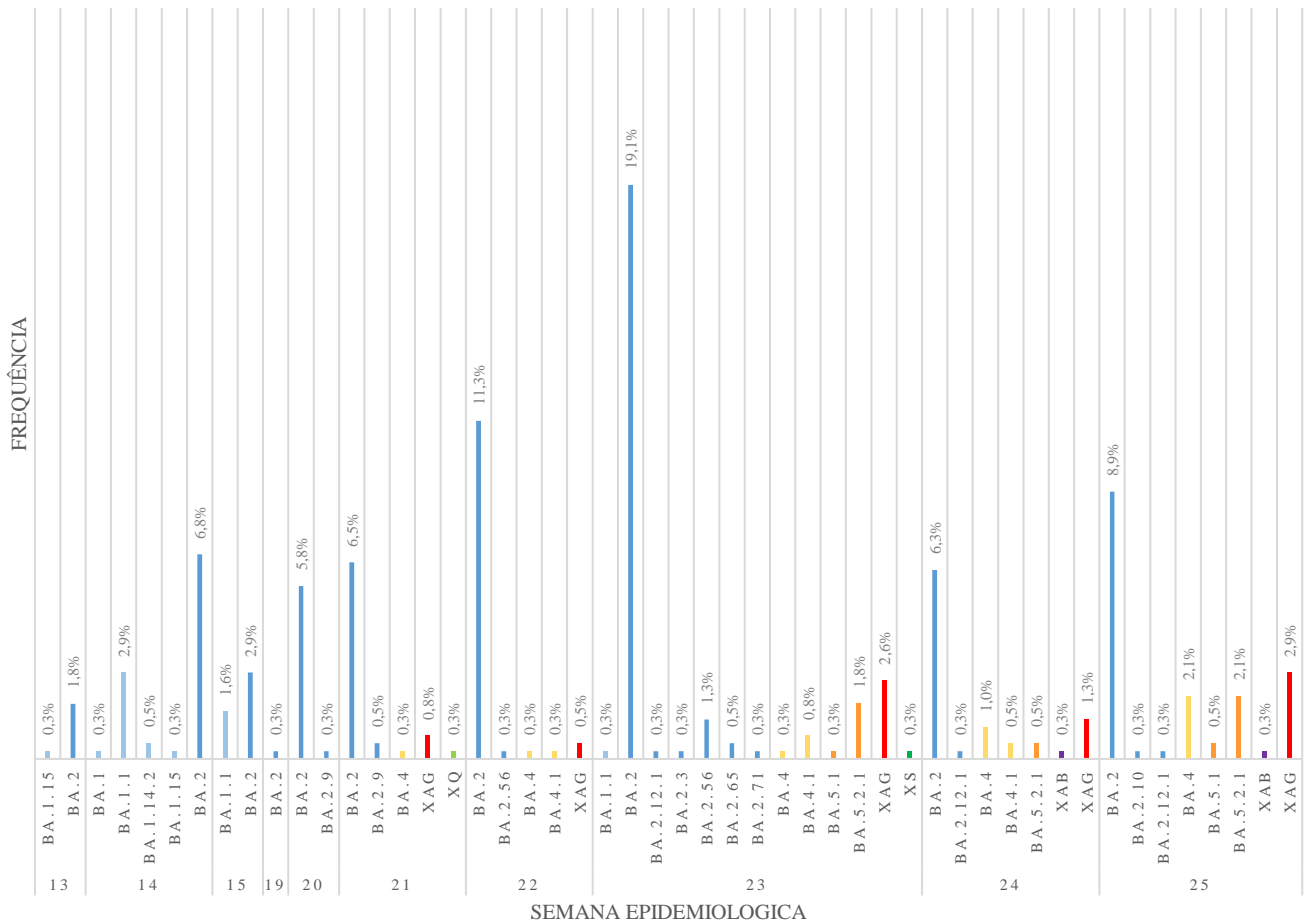


Figura 1- Árvore filogenética dos genomas de SARS-CoV-2 sequenciados no período de 01 de abril de 2022 a 22 de junho de 2022.

Phylogeny

Nextclade Pango Lineage

- | | |
|-----------|-----------|
| BA.2 | BA.1.14.2 |
| XAG | BA.1.15 |
| BA.1.1 | BA.2.65 |
| BA.5.2.1 | XAB |
| BA.4 | BA.1 |
| BA.2.56 | BA.2.10 |
| BA.4.1 | BA.2.3 |
| BA.2.12.1 | BA.2.71 |
| BA.2.9 | XQ |
| BA.5.1 | XS |

