

Brasília, 01 de setembro de 2022

INFORME Nº 22 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

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) da Universidade Feevale em agosto de 2022. As amostras foram coletadas entre os meses de janeiro e agosto de 2022. As amostras oriundas do serviço de diagnóstico molecular do LMM (47) são de pacientes residentes dos municípios de Campo Bom (3), Canoas (1), Dois Irmãos (1), Estância Velha (2), Esteio (1), Ivoti (6), Novo Hamburgo (21), Portão (2), São José do Hortêncio (2), São Leopoldo (5), São Sebastião do Caí (1), Sapucaia do Sul (1) e Taquara (1). Em parceria com a Universidade de Santa Cruz do Sul (UNISC) foram sequenciadas 30 amostras dos municípios de Cachoeira do Sul (1), Encruzilhada do Sul (2), Rio Pardo (2), Santa Cruz do Sul (23) e Vera Cruz (2). As demais amostras (7) são provenientes de viajantes cruzando a fronteira entre o Brasil e a Argentina, coletadas em parceria com a Universidade Federal de Pelotas (UFPel).

Os genomas sequenciados foram analisados através da plataforma online *Nextclade* (<https://clades.nextstrain.org/>), e caracterizados como pertencentes a linhagem Ômicron (100%) das seguintes sublinhagens: Clado 21K - BA.1.1 (2), BA.1.14 (3), BA.1.14.2 (1), BA.1.15 (1); Clado 21L - BA.2 (20); Clado 22B - BA.5 (1), BA.5.1 (7), BA.5.2 (23), BA.5.2.1 (11), BF.12 (1); Clado 22A - BA.4 (4), BA.4.6 (7) e as recombinantes XAG (2) e XQ (1) (Figura 1). Atualmente, a VOC Ômicron é a variante globalmente majoritária. 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 2). 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 a periódico científico.

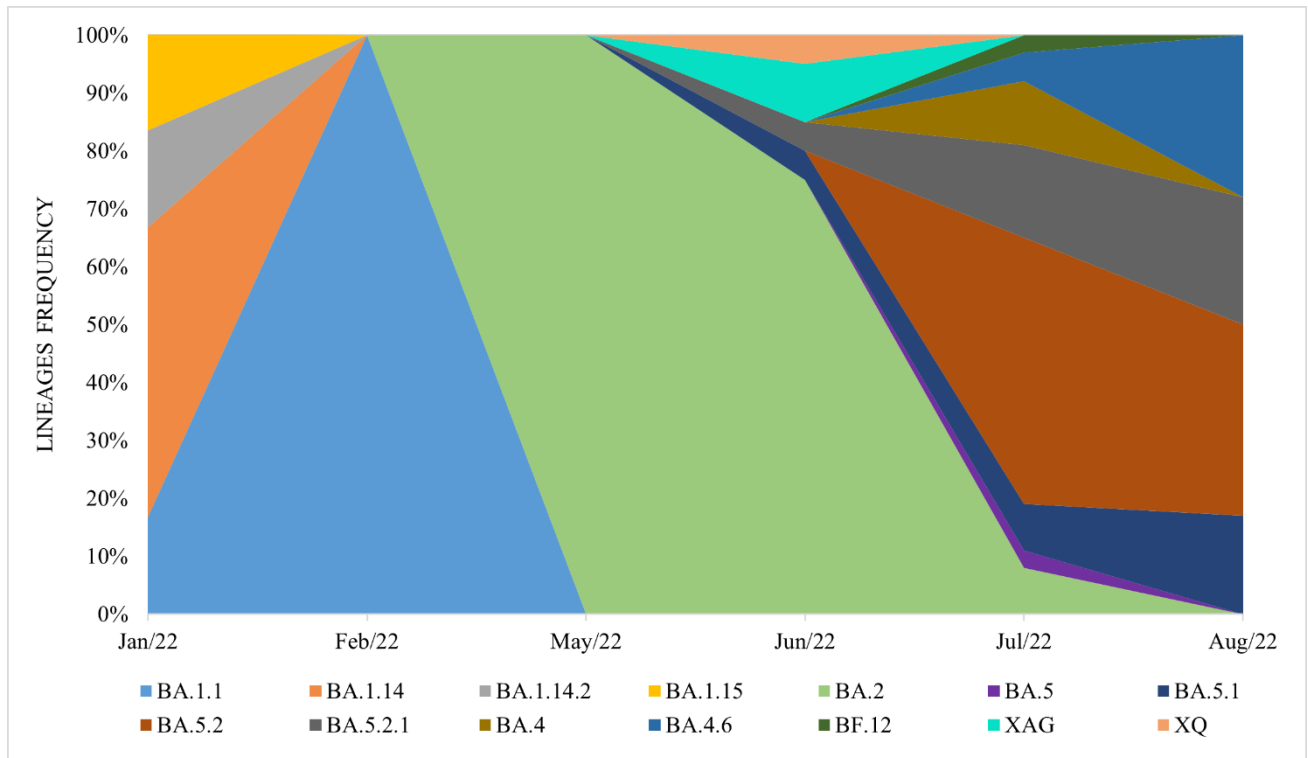


Figura 1. Distribuição das sublinhagens de SARS-CoV-2 nas 84 amostras sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale em agosto de 2022.

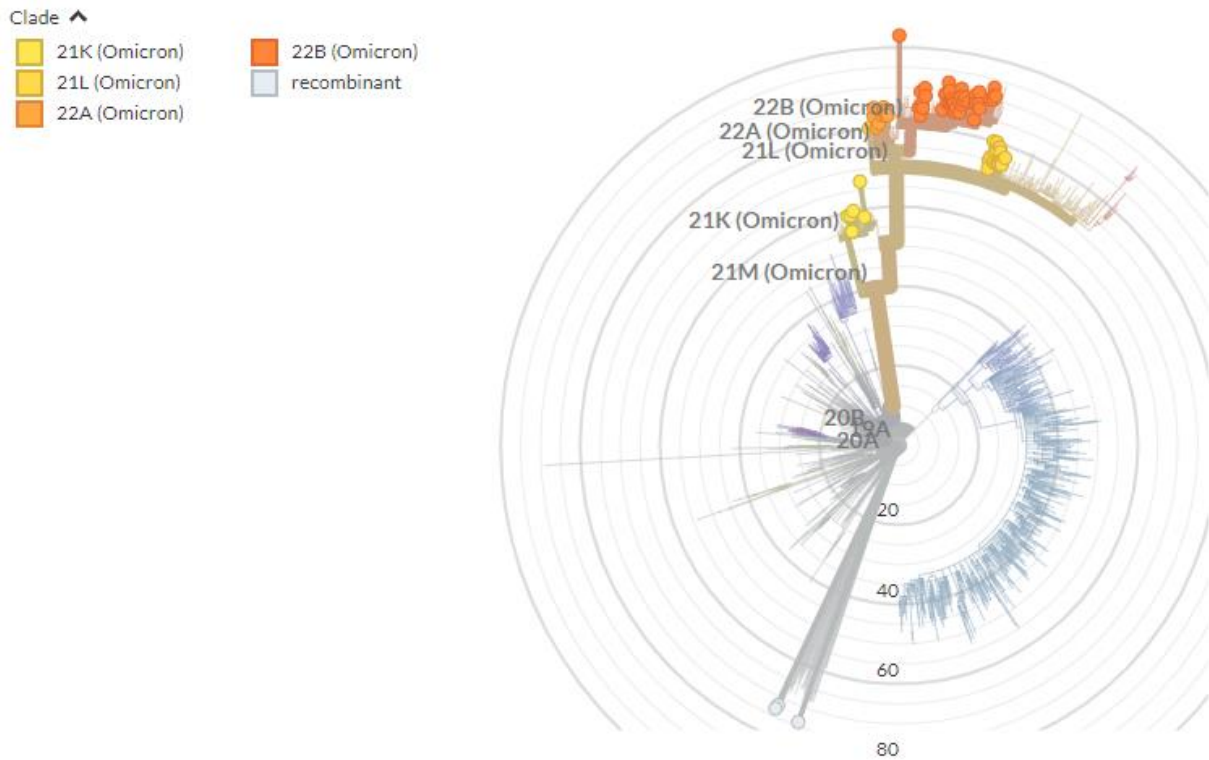


Figura 2. Árvore filogenética realizada através da plataforma online *NextClade* (<https://clades.nextstrain.org/tree>) com as 84 amostras sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale em agosto de 2022.

Desde janeiro de 2021, o LMM vem realizando o acompanhamento epidemiológico de SARS-CoV-2 e ao datar do surgimento da VOC Ômicron, em dezembro de 2021, foi possível demonstrar que esta variante é predominante desde janeiro de 2022 (Figura 3), dados que vem acompanhando o cenário mundial. A Ômicron é composta por várias sublinhagens, sendo que, inicialmente, a BA.1, BA.1.1 (clado 21K) e BA.2 (clado 21L) eram as mais comuns. A proporção de sequências relatadas globalmente designadas como BA.2 foi aumentando em relação a BA.1 (<https://www.who.int/news/item/22-02-2022-statement-on-omicron-sublineage-ba.2>) o que pôde ser observado também no nosso acompanhamento, uma vez que até abril de 2022, a maioria das amostras sequenciadas correspondiam as sublinhagens do clado 21K, entretanto, em maio do mesmo ano, a situação começou a mudar e a maioria das amostras corresponderam a linhagem BA.2 até o mês de junho. Alguns estudos demonstraram que a sublinhagem BA.2 seria mais transmissível do que a BA.1 e mais eficiente em infectar pessoas vacinadas e com uma terceira dose de reforço do que as variantes anteriores. Além disso, sequências recombinantes que têm sido relatadas mundialmente, foram relatadas em maio e junho de 2022 em nosso monitoramento, sendo que as recombinantes entre as linhagens BA.1 e BA.2 (XAG e XQ) já totalizam 8 amostras sequenciadas.

Contudo, os nossos dados mais recentes (julho e agosto) destacam o aumento na detecção do clado 22B, com destaque para a BA.5.2, BA.5.2.1 e BA.5.1, e a primeira aparição da BF.12 na região. As sublinhagens em destaque tiveram as suas primeiras detecções início de maio no Brasil e final do mesmo mês no Rio Grande do Sul. Elas já compõem 13% (BA.5.2.1), 7% (BA.5.1) e 1% (BA.5.2) de prevalência nas amostras do estado (<https://outbreak.info/>), tendo uma frequência menor do que as amostras por nós analisadas. No mesmo período, ocorreu a introdução da BA.4 e da BA.4.6 (clado 22A), demonstrando uma forte tendencia ao aumento da circulação desses sublinhagens, sendo que, a BA.4.6 teve uma recente introdução no estado (04 de julho de 2022) (<https://outbreak.info/>) e já representou 28% das nossas amostras sequenciadas no mês de agosto.

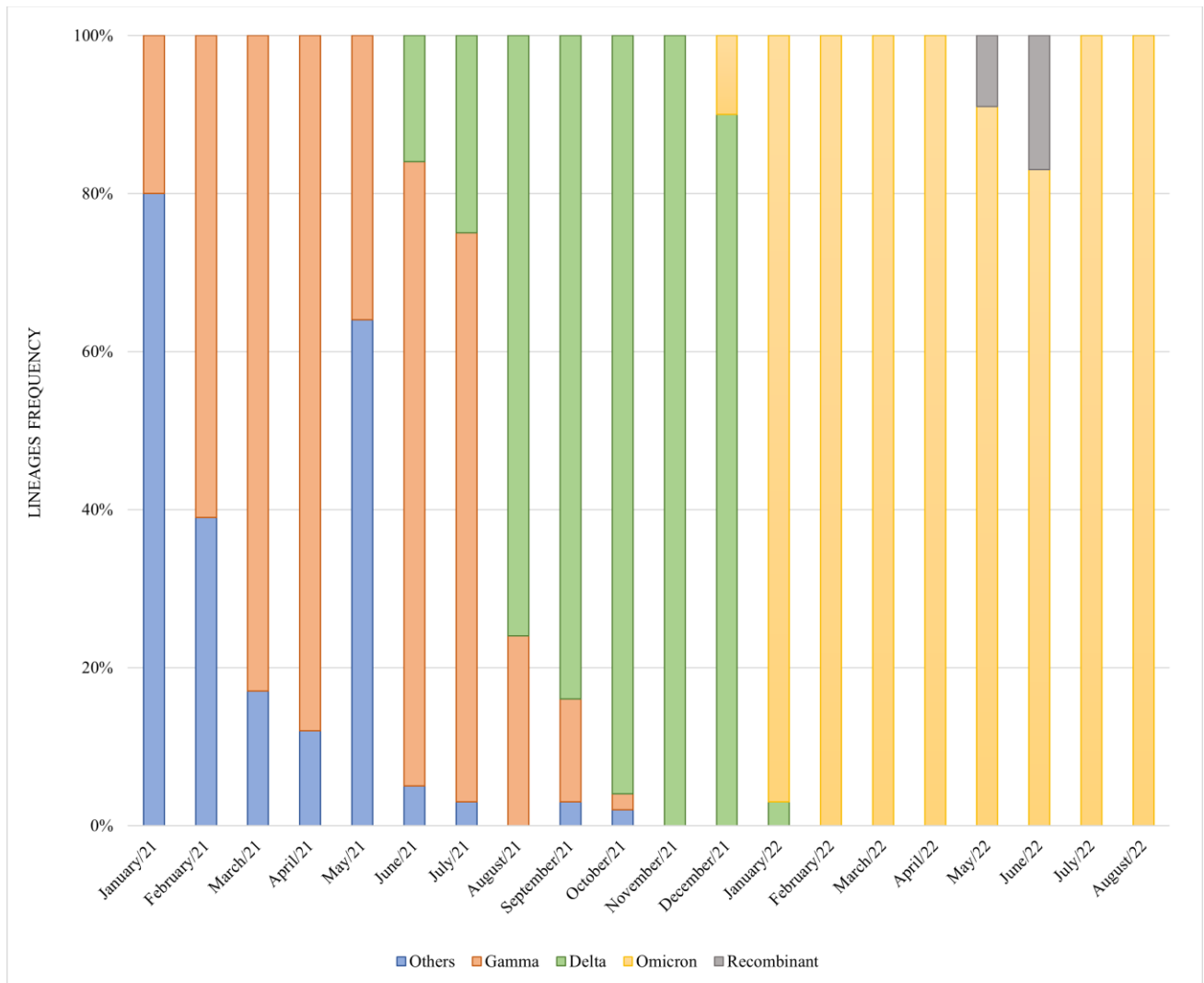


Figura 3. Acompanhamento epidemiológico das linhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale entre os meses de janeiro de 2021 até agosto de 2022.