

Belo Horizonte, 18 de novembro 2022

**INFORME Nº 23 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI**

A equipe do CTVacinas da Universidade Federal de Minas Gerais, integrante da Rede Vírus-MCTI e da Rede Corona-Ômica BR-MCTI, tem buscado a caracterização de variantes do SARS-CoV-2 utilizando a metodologia de Sanger. O sequenciamento de amplicons correspondentes à região da proteína Spike abrangendo à região codificadora da porção ligante ao receptor celular (RBD) permite a identificação de mutações específicas presentes em variantes de preocupação (VOC's) circulantes em vários países e que resultam em várias mudanças de aminoácidos nessa porção da proteína. Recentes análises de 2 amostras de swab nasofaríngeo, provenientes de indivíduos infectados oriundas da cidade de Belo Horizonte, Minas Gerais, revelaram a presença das mutações características da variante BQ.1.1, originalmente isolada na África.

Recomendamos, portanto, que as providências cabíveis sejam tomadas pelos órgãos estaduais e federais competentes no controle da dispersão das variantes do SARSCoV-2 em território brasileiro.

<b>Número interno</b>	<b>Data de nascimento</b>	<b>Sexo</b>	<b>Cidade</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Data da coleta</b>
CT2893	09/07/1998	Feminino	Belo Horizonte	BQ.1.1	25/10/2022
CT2898	08/02/1996	Masculino	Belo Horizonte	BQ.1.1	01/11/2022

---

**Rede Corona-Ômica.BR-MCTI**

---