

Brasília, 25 de novembro de 2022

### **INFORME REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI**

No período entre 02 de agosto de 2022 a 16 de novembro de 2022, 157 amostras clínicas positivas para SARS-CoV-2 foram submetidas à sequenciamento de genoma total no equipamento ISeq (Illumina) (68/157; 43%) e dispositivo MinION (Oxford Nanopore Technologies) (89/157; 57%) no Laboratório de Biologia Molecular e Bioinformática Aplicadas 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 (157/157; 100%), das seguintes sublinhagens: BA.4.6 (51; 32,5%/157), BA.5.2.1 (42/157; 26,8%), BA.5.1 (24/157; 15,3%), BQ.1.1 (15/157; 9,6%), BA.4 (6/157; 3,8%), BE.9 (4/157; 2,5%), BF.31 (2/157; 1,3%), BQ.1 (2/157; 1,3%), BA.5 (2/157; 1,3%), BA.5.2 (2/157; 1,3%), BA.2 (1/157; 0,6%), BA.4.1 (1/157; 0,6%), BA.5.3.1 (1/157; 0,6%), BA.5.1.21 (1/157; 0,6%), BN1.3.1 (1/157; 0,6%) e XAS recombinante (2/157; 1,3%) (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).

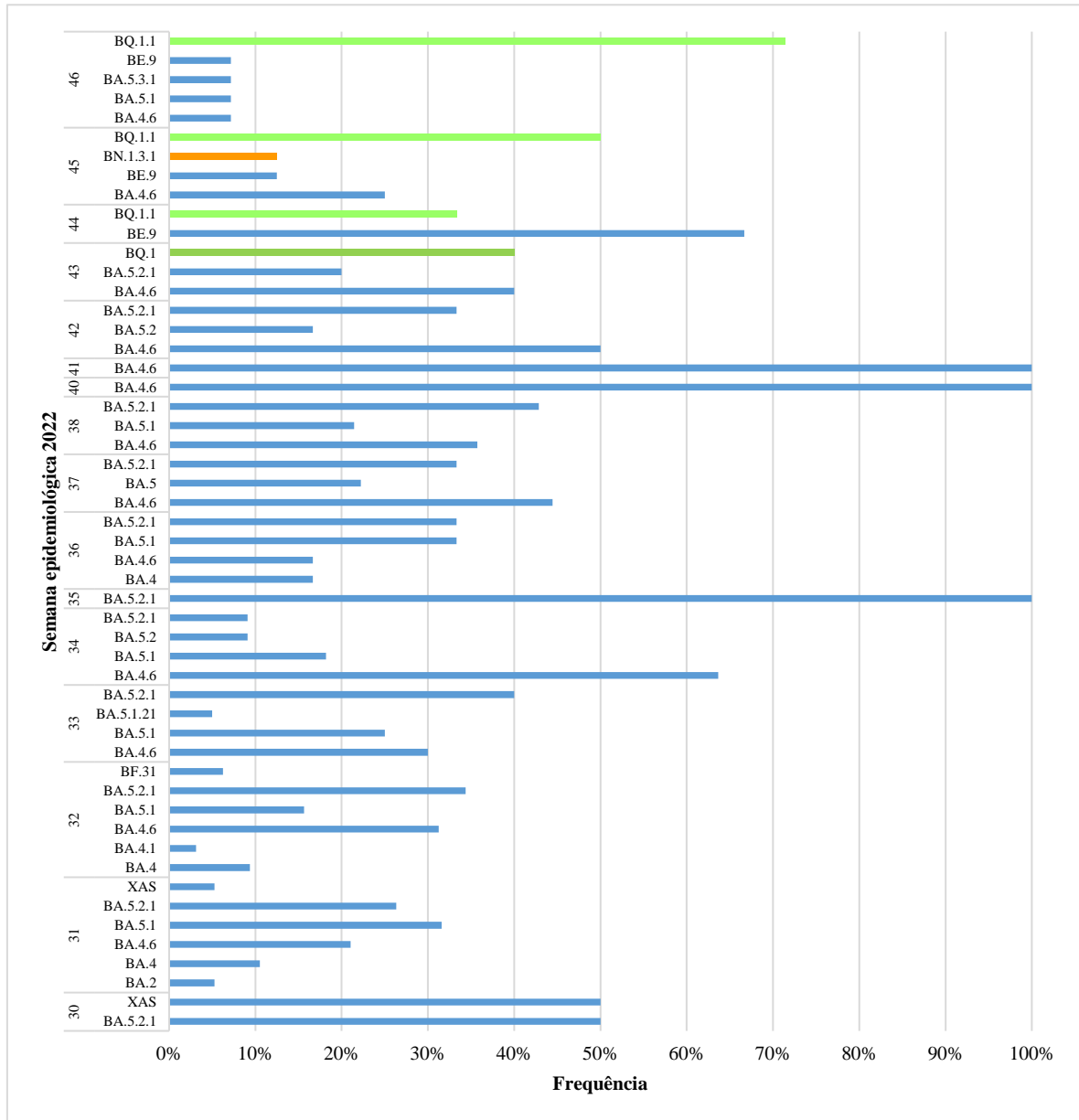
A vigilância genômica, que vêm sendo realizada pelo laboratório desde maio de 2021, demonstra predominância da variante de preocupação Ômicron desde a primeira semana epidemiológica do ano de 2022. Salienta-se a detecção e emergência das sublinhagens BQ.1 e BQ.1.1 nas últimas semanas (primeira detecção local na semana epidemiológica 43- 23 de outubro a 29 de outubro de 2022). Também se informa o primeiro caso da sublinhagem BN.1.3.1 detectado no Rio Grande do Sul. A amostra foi coletada em 11 de novembro de 2021 de uma paciente do sexo feminino, 50 anos de idade, vacinada com duas doses do fabricante AstraZeneca/Fiocruz. A mesma é domiciliada no município de Santa Maria e possui histórico recente de viagem para o estado de Santa Catarina, relatando contato com 3 indivíduos que também tiveram

infecção por SARS-CoV-2. Apresentou sintomas como febre, anosmia, disgeusia, mialgia e tosse.

As informações trazidas neste informe demonstram mudanças na frequência 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 a respeito de medidas de prevenção e controle da doença, ressaltando 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 02 de agosto a 16 de novembro de 2022



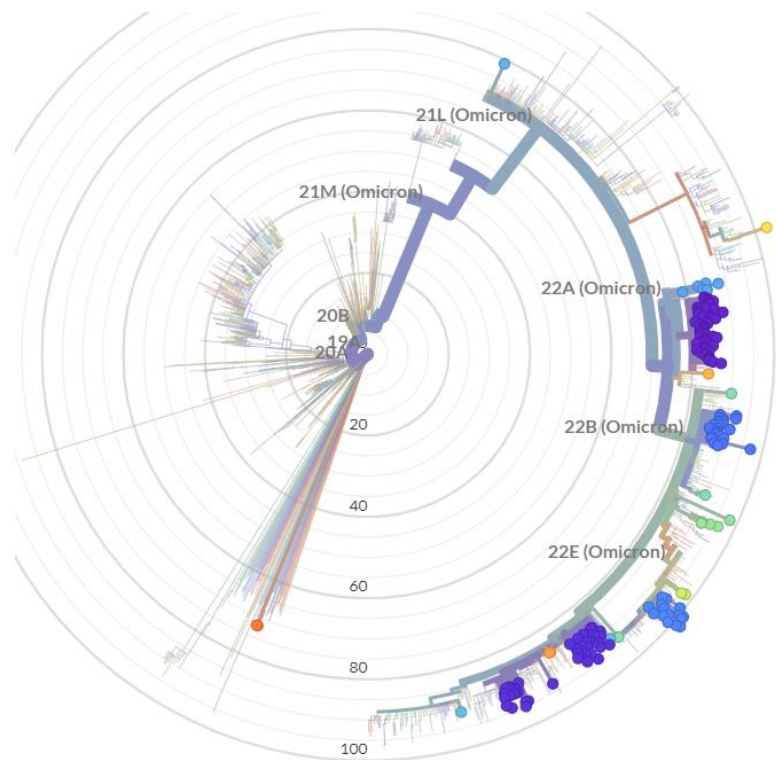
\*Amostragem: SE 30 (2); SE 31 (19); SE 32 (32); SE 33 (20); SE 34 (11); SE 35 (2); SE 36 (6); SE 37 (9); SE 38 (14); SE 40 (5); SE 41 (1); SE 42 (6); SE 43 (5); SE 44 (3); SE 45 (8); SE 46 (14).

Figura 1- Árvore filogenética dos genomas de SARS-CoV-2 sequenciados no período de 02 de agosto a 16 de novembro de 2022

Phylogeny

Nextclade Pango Lineage

- |          |           |
|----------|-----------|
| BA.4.6   | BA.5.3.1  |
| BA.5.2.1 | BE.9      |
| BA.5.1   | BQ.1      |
| BQ.1.1   | BA.4.1    |
| BA.4     | BF.31     |
| BA.2     | XAS       |
| BA.5.2   | BA.5.1.21 |
| BA.5     | BN.1.3.1  |




---

Rede Corona-Ômica.BR-MCTI

---