

Brasília, 13 de dezembro de 2022

INFORME Nº 26 - REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

Um total de 19 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 dezembro de 2022. As amostras foram coletadas entre os meses de outubro e novembro de 2022, sendo oriundas de pacientes residentes dos municípios de Novo Hamburgo (2), Campo Bom (4), Estância Velha (11), e dois pacientes que estavam em viagem na Europa e chegaram no Rio Grande do Sul (RS) apresentando sintomas.

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 22B - BA.5.1 (1), BA.5.3 (5), BE.1 (1); Clado 22E – BQ.1 (1), BQ.1.1 (8), BQ.1.1.18 (1), BQ.1.22 (1); Clado 22F – XBB (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 ao periódico científico.

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, vem sendo 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 o que pôde ser observado também no nosso acompanhamento, uma vez que a partir de maio até o mês de junho de 2022, a maioria das amostras corresponderam a linhagem BA.2. Alguns estudos demonstraram que a 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, também foram relatadas em nosso monitoramento. Já, os nossos dados de julho e agosto destacaram o aumento na detecção do clado

22B, com destaque para BA.5.2, BA.5.2.1 e BA.5.1, e a primeira aparição da BF.12 na região. Essas sublinhagens tiveram as suas primeiras detecções início de maio no Brasil e final do mesmo mês no RS. No mesmo período, ocorreu a introdução da BA.4 e da BA.4.6 (clado 22A), sendo que, a BA.4.6 em agosto já representava 28% das nossas amostras sequenciadas no mês de agosto.

Os nossos dados mais recentes (outubro e novembro/2022) confirmaram a tendência da circulação das sublinhagens do clado 22B, especialmente a BA.5.3 que foi detectada em ambos os meses. Contudo, nesse período também obtivemos com importante representatividade a circulação de algumas das sublinhagens que compõem o clado 22E, que mundialmente vem sendo relacionado com o novo aumento de casos de COVID-19 em diversos países, incluindo o Brasil. Dentre os nossos dados, tivemos a detecção precoce da BQ.1.1 em 26 de outubro de 2022, em um paciente com histórico de viagem para a Europa que chegou ao estado do RS já apresentando sintomas. Antes da nossa detecção, a primeira sequência de BQ.1.1 no RS tem sido datada em 7 de novembro (<https://outbreak.info/>). Essa sublinhagem vem confirmando uma tendência de alta na circulação, uma vez que, das nossas amostras sequenciadas de novembro a maioria foi correspondente a ela (44%). Além da representatividade da BQ.1.1 em novembro, também detectamos mais sequências correspondentes ao clado 22E apresentando 6% de detecção (1/16) das sublinhagens BQ.1, BQ.1.1.18 e BQ.1.22 (Figura 1).

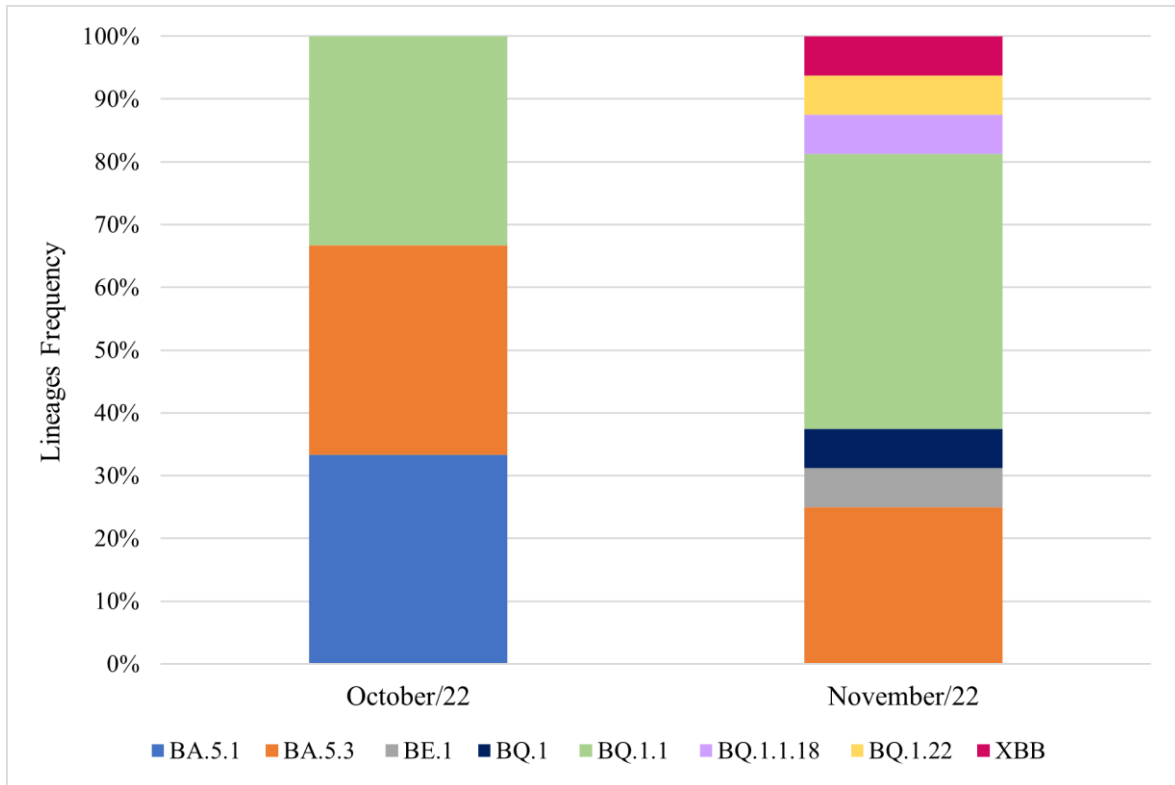


Figura 1. Distribuição das sublinhagens de SARS-CoV-2 nas 19 amostras sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale em dezembro de 2022.

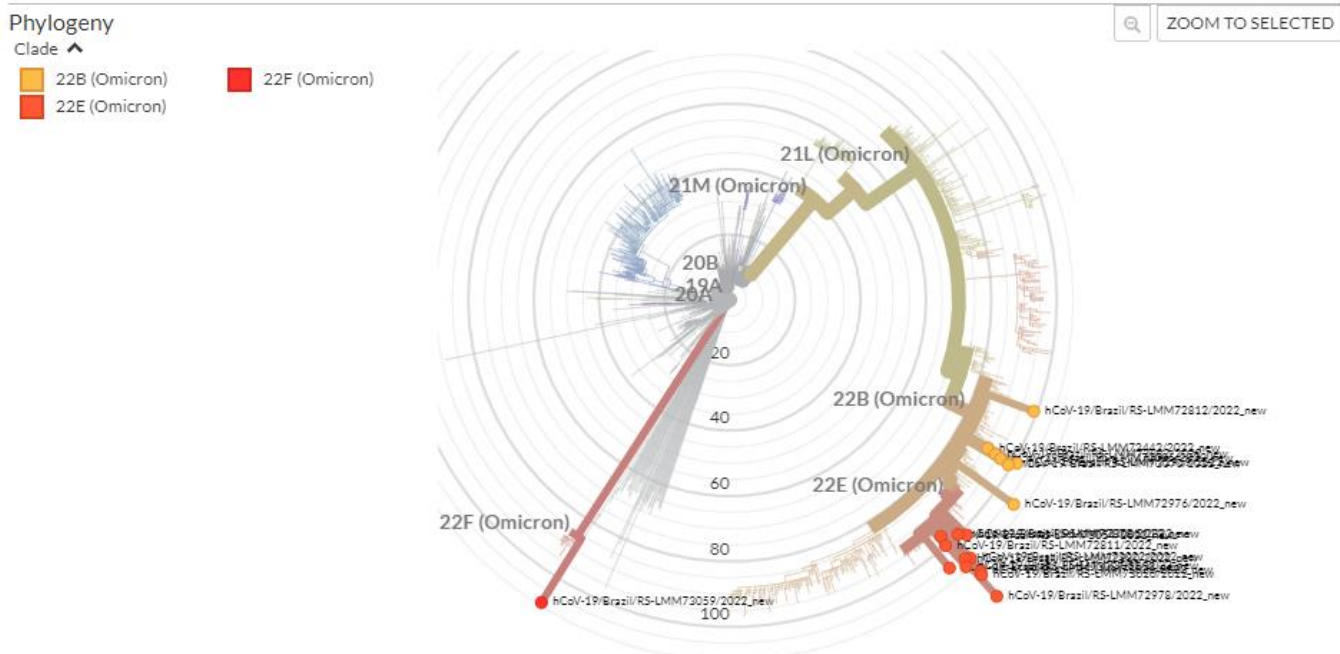


Figura 2. Árvore filogenética realizada através da plataforma online *NextClade* (<https://clades.nextstrain.org/tree>) com as 19 amostras sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale em dezembro de 2022.

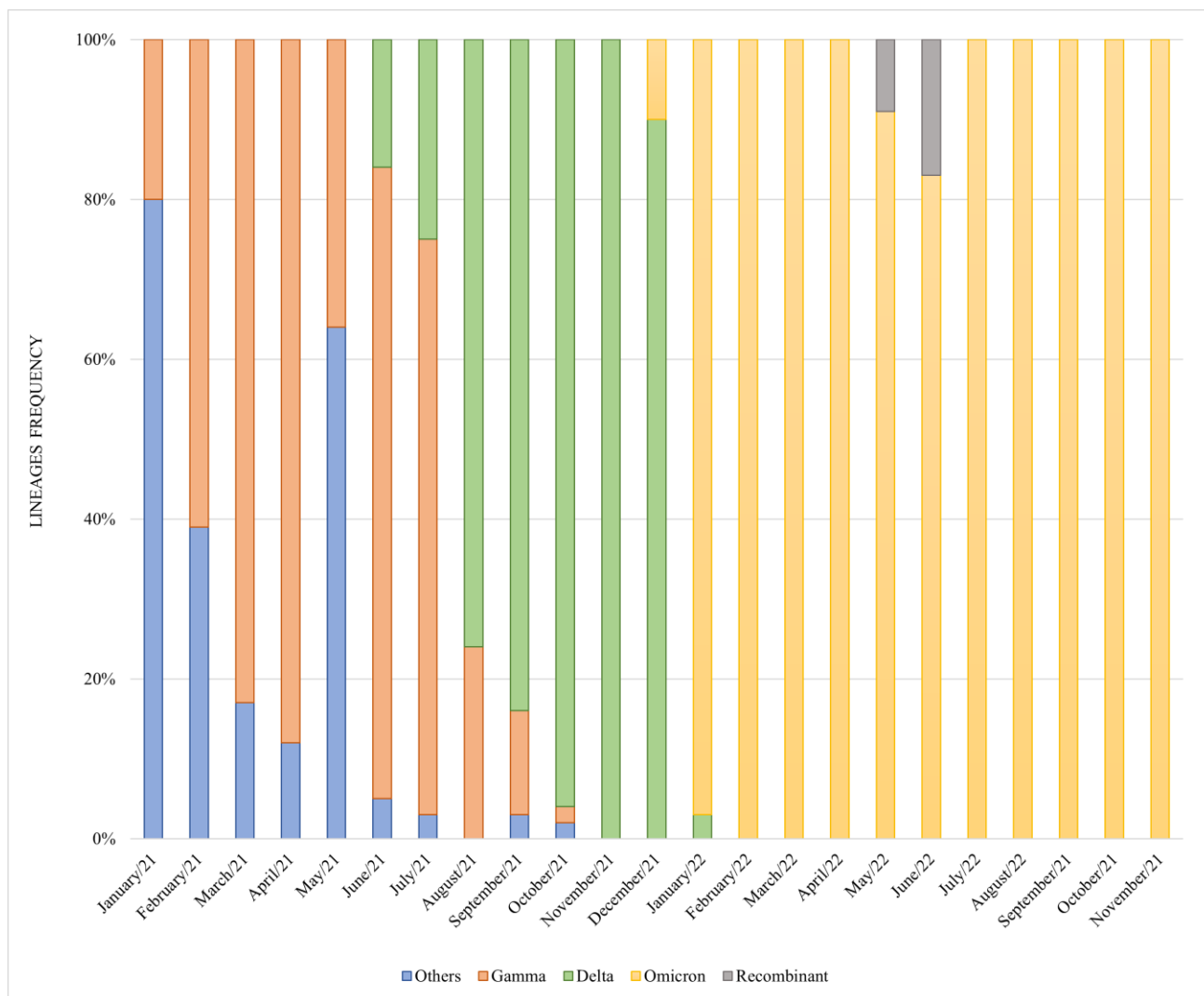


Figura 3. Acompanhamento epidemiológico das linhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas pelo Laboratório de Microbiologia Molecular da Universidade Feevale entre os meses de janeiro de 2021 até novembro de 2022.