

Brasília, 08 de março de 2023

INFORME Nº 05 - REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

A Rede Vírus MCTI informa que a Rede Corona-Ômica.BR-MCTI, através do Laboratório de Bioinformática & Biotecnologia (Labinftec) da Universidade Federal do Tocantins (UFT) em colaboração com o Laboratório Central de Saúde Pública do Tocantins (LACEN-TO) realizou o sequenciamento de **30 amostras** selecionadas entre os dias 06 de janeiro de 2023 a 09 de fevereiro de 2023, provenientes de pacientes com sintomas de COVID-19 residentes em **sete** diferentes municípios do estado do Tocantins: Aguiarnópolis (1), Alvorada (1), Guaraí (1), Gurupi (1), Jaú do Tocantins (1), Palmas (23) e Ponte Alta do Tocantins (2) (**Figura 1**).

Todos os genomas foram sequenciados utilizando a tecnologia desenvolvida pela empresa Oxford Nanopore® (MinION). Os protocolos de preparo de biblioteca foram realizados usando os kits Rapid Barcoding Kit 96 (SQK-RBK110.96) e Midnight RT PCR Expansion (EXP-MRT001). Foram obtidos genomas de SARS-CoV-2 que apresentaram em sua grande maioria cobertura superior a 98% do genoma total.

Do total de 30 amostras, 60% (18 amostras) foram do sexo feminino e 40% (12) do sexo masculino, com idade média de 42 anos (min: 18 anos, max: 86 anos, mediana: 41 anos). As amostras selecionadas apresentaram valores de Ct (cycle threshold) que variaram entre 16,0 e 27,6 (média: 22,2, mediana: 22,8) (**Tabela 1**).

Distribuição dos genomas de SARS-CoV-2 sequenciados no estado do Tocantins

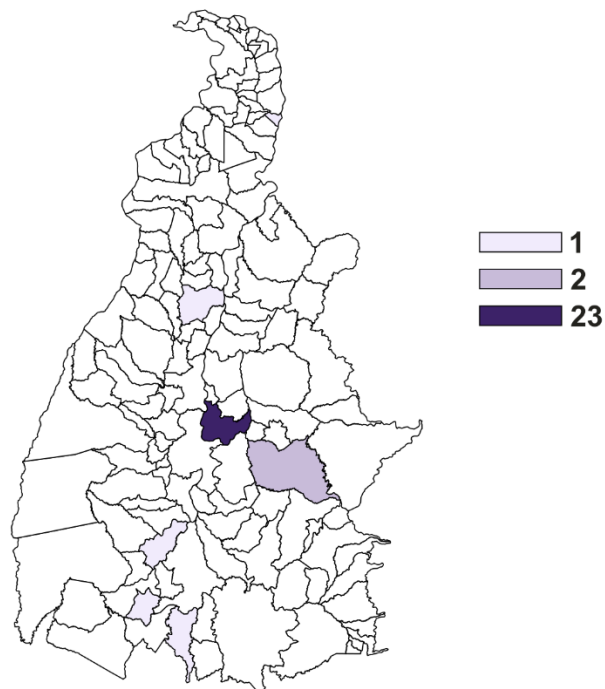


Figura 1. Mapa do estado do Tocantins, destacando os municípios onde foram obtidas e caracterizadas as sequências genômicas de SARS-CoV-2

Os genomas sequenciados foram analisados através da plataforma online Nextclade (<https://clades.nextstrain.org/>), e classificados em quatro clados diferentes (22B [3], 22E [13] e 22F [5] e 23ª [9]) todos pertencentes a Variante Ômicron (100%) a qual atualmente é a variante globalmente majoritária (**Tabela 1**).

A avaliação da linhagem foi realizada utilizando a ferramenta Pangolin (Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak LINEages) disponível em <https://github.com/hCoV-2019/pangolin>, seguindo a classificação dinâmica proposta por Rambaut e colaboradores (Rambaut et al 2020). De 30 amostras sequenciadas no estado do Tocantins, foram identificadas a circulação de seis linhagens: sendo a maioria classificadas como BQ.1.1 (12 genomas ou 40%), seguido das linhagens XBB.1.5 (9 genomas ou 30%), XBB.1 (5 genomas ou 16,7%), BE.9 (2 genomas ou 6,7%), BQ.1 e CK.1

(ambas com 1 genomas, 3,3%). (**Figura 2**). Destacamos, portanto, a detecção e emergência das novas linhagens do SARS-CoV-2 no estado do Tocantins, em especial as linhagens XBB.1 e XBB.1.5 que podem ter impacto na epidemiologia da COVID-19. Para confirmação dos resultados obtidos, foi realizada uma análise filogenética com o programa Nextstrain usando como dataset os novos genomas gerados e o banco de dados da América do Sul (<https://nextstrain.org/ncov/gisaid/south-america>) (**Figura 3**).

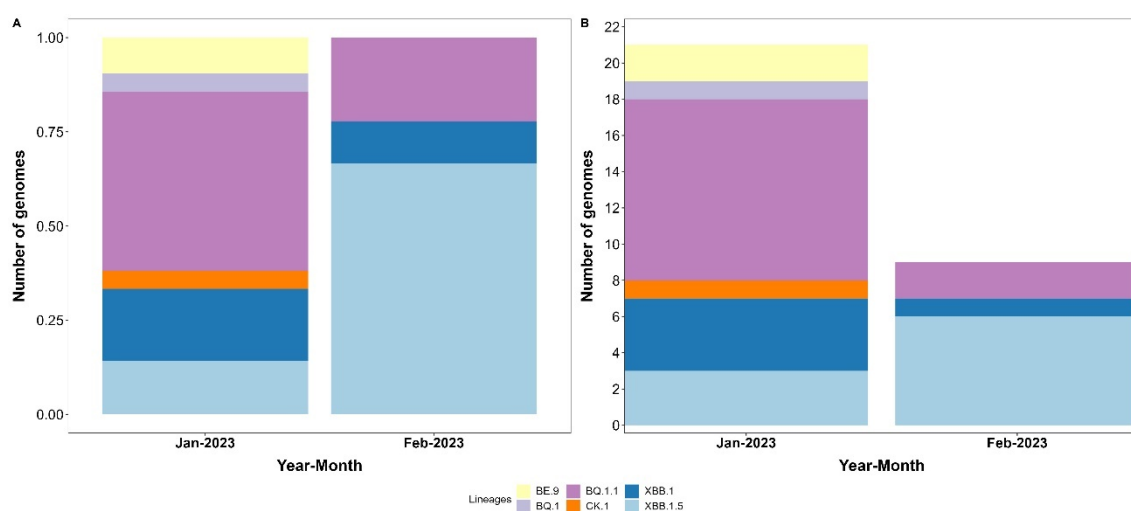


Figura 2A. Distribuição das linhagens de SARS-CoV-2 nos 30 genomas sequenciados no estado do Tocantins no período de 06 de janeiro de 2023 a 09 de fevereiro de 2023. **2B.** Proporção das linhagens de SARS-CoV-2 nos 30 genomas sequenciados.

Showing 30 of 1100 genomes sampled between Jan 2023 and Feb 2023. Filtered to Tocantins (30) .

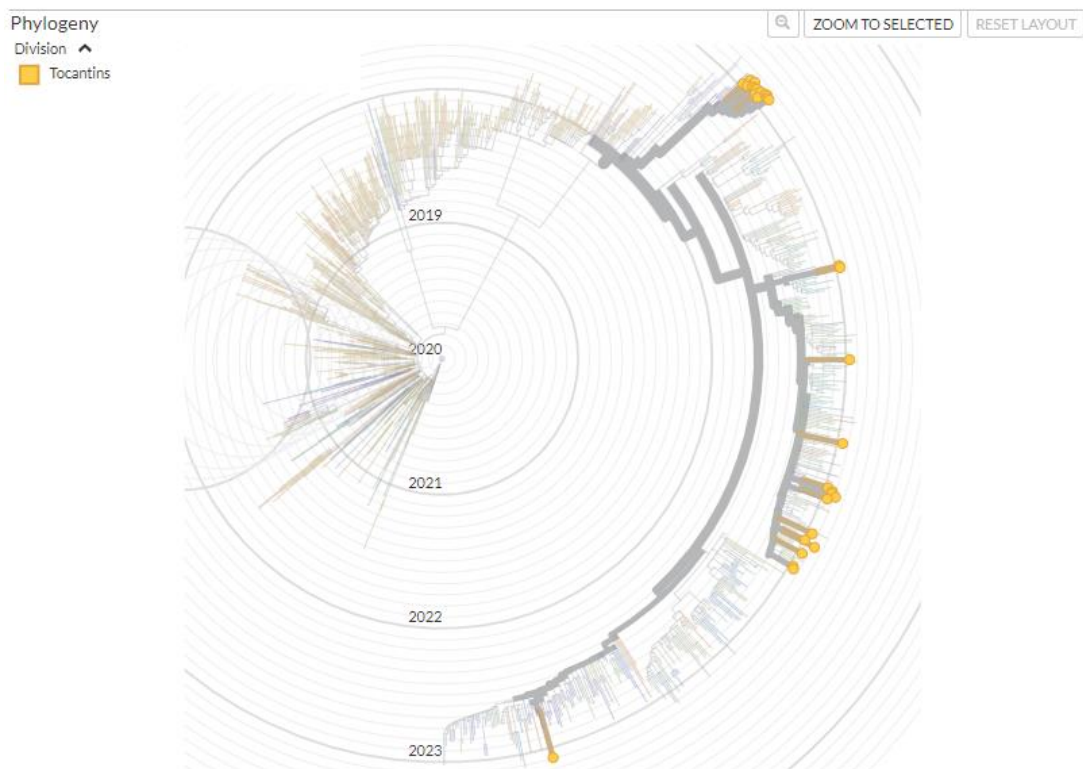


Figura 3. Reconstrução filogenética dos 30 genomas de SARS-CoV-2 sequenciadas no estado do Tocantins. A árvore filogenética foi construída usando o programa Nextstrain e o dataset da América do Sul (<https://nextstrain.org/ncov/gisaid/south-america/6m>).

Tabela 1. Linhagem e informações das amostras sequenciadas no período de 06 de janeiro de 2023 a 09 de fevereiro de 2023 pelo Laboratório de Bioinformática & Biotecnologia (Labinftec) da Universidade Federal do Tocantins (UFT) em colaboração com o Laboratório Central de Saúde Pública do Tocantins (LACEN-TO).

ID	data	Município de Residência	Idade	Sexo	Pango lineage	Nextclade	CT
TO-LABINFTEC-170540645	2023-01-24	Ponte Alta do Tocantins	70	FEMININO	BQ.1.1	22E	26,7
TO-LABINFTEC-170540677	2023-01-24	Ponte Alta do Tocantins	50	MASCULINO	BQ.1.1	22E	24,7
TO-LABINFTEC-170540709	2023-01-25	Palmas	55	MASCULINO	XBB.1	22F	25,1
TO-LABINFTEC-170541008	2023-01-27	Palmas	40	FEMININO	XBB.1	22F	21,8
TO-LABINFTEC-170541257	2023-01-30	Palmas	27	MASCULINO	CK.1	22B	23,8
TO-LABINFTEC-170541307	2023-01-30	Palmas	18	FEMININO	XBB.1	22F	18,6
TO-LABINFTEC-170541751	2023-02-02	Palmas	24	MASCULINO	XBB.1.5	23A	24,9
TO-LABINFTEC-170541790	2023-02-02	Palmas	36	FEMININO	XBB.1.5	23A	24,0
TO-LABINFTEC-170542151	2023-02-06	Palmas	86	MASCULINO	BQ.1.1	22E	17,2
TO-LABINFTEC-170542190	2023-02-06	Palmas	26	FEMININO	XBB.1.5	23A	16,0
TO-LABINFTEC-170542753	2023-02-08	Palmas	20	FEMININO	XBB.1.5	23A	19,3
TO-LABINFTEC-170542279	2023-02-06	Palmas	57	FEMININO	XBB.1.5	23A	16,3
TO-LABINFTEC-170542356	2023-02-07	Jaú do Tocantins	82	MASCULINO	BQ.1.1	22E	24,9
TO-LABINFTEC-170542370	2023-02-07	Palmas	36	MASCULINO	XBB.1	22F	19,4
TO-LABINFTEC-170542900	2023-02-09	Palmas	53	MASCULINO	XBB.1.5	23A	22,6
TO-LABINFTEC-170538517	2023-01-06	Alvorada	46	FEMININO	BQ.1.1	22E	23,2
TO-LABINFTEC-170539161	2023-01-11	Palmas	26	MASCULINO	BE.9	22B	23,0
TO-LABINFTEC-170539283	2023-01-12	Guaraí	33	MASCULINO	BQ.1.1	22E	20,8

ID	data	Município de Residência	Idade	Sexo	Pango lineage	Nextclade	CT
TO-LABINFTEC-170539056	2023-01-11	Aguiarnópolis	43	FEMININO	BQ.1	22E	24,7
TO-LABINFTEC-170539280	2023-01-12	Palmas	25	FEMININO	XBB.1.5	23A	21,2
TO-LABINFTEC-170539408	2023-01-13	Palmas	55	FEMININO	BE.9	22B	22,6
TO-LABINFTEC-170539546	2023-01-16	Palmas	47	FEMININO	BQ.1.1	22E	24,2
TO-LABINFTEC-170539623	2023-01-16	Palmas	64	MASCULINO	XBB.1.5	23A	25,8
TO-LABINFTEC-170539542	2023-01-16	Palmas	24	MASCULINO	BQ.1.1	22E	21,5
TO-LABINFTEC-170539616	2023-01-16	Palmas	41	FEMININO	BQ.1.1	22E	18,2
TO-LABINFTEC-170539515	2023-01-16	Gurupi	44	FEMININO	XBB.1	22F	23,9
TO-LABINFTEC-170539812	2023-01-17	Palmas	26	FEMININO	XBB.1.5	23A	19,5
TO-LABINFTEC-170539814	2023-01-17	Palmas	30	FEMININO	BQ.1.1	22E	27,6
TO-LABINFTEC-170539595	2023-01-16	Palmas	44	FEMININO	BQ.1.1	22E	20,1
TO-LABINFTEC-170538735	2023-01-09	Palmas	27	FEMININO	BQ.1.1	22E	24,0

Referências

Rambaut, A., Holmes, E. C., O'Toole, Á., Hill, V., McCrone, J. T., Ruis, C., ... & Pybus, O. G. (2020). A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nature microbiology*, 5(11), 1403-1407..

Hadfield, J., Megill, C., Bell, S. M., Huddleston, J., Potter, B., Callender, C., ... & Neher, R. A. (2018). Nextstrain: real-time tracking of pathogen evolution. *Bioinformatics*, 34(23), 4121-4123.

Rede Corona-Ômica.BR-MCTI
