

Minas Gerais, 12 de setembro de 2023

INFORME Nº 06 - REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

O Observatório de Vigilância Genômica de Minas Gerais (OViGen-MG) é uma iniciativa de vigilância genômica com o objetivo de monitorar as variantes do SARS-CoV-2 no Estado de Minas Gerais. O OViGen-MG é composto por membros da Fundação Ezequiel Dias (FUNED), Laboratório de Biologia Integrativa da Universidade Federal de Minas Gerais (LBI-UFMG), Núcleo de Ações e Pesquisa em Apoio Diagnóstico da UFMG (NUPAD-UFMG), CT vacinas (UFMG), Laboratório Institucional de Pesquisa em Biomarcadores (LINBIO-UFMG), Grupo Hermes Pardini e da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais (SES-MG). O OViGen-MG conta com financiamento dos Laboratórios de Campanha e Rede Corona-ômica-MCTI (Rede Vírus-MCTI), Instituto Todos Pela Saúde (ITPs) e a Rede NVAP (New Variant Assessment Platform-UK).

Neste comunicado relatamos a situação das variantes do SARS-CoV-2 a partir da análise de **313** amostras coletadas entre **11/05/2022** e **26/06/2023**. A **média** de idade na amostra é de **44,26** com **desvio padrão 17,35**. Pacientes mulheres compõem **57,82%**, e a maioria das amostras sequenciadas até o momento são da região sudeste do país (**108**), seguida da região norte (**93**) (**tabela 1 e figura 1**).

Tabela 1 Quantidade de amostras por semana epidemiológica e região do Brasil. Total de amostras sequenciadas com cobertura maior de 70% = 313.

Ano	Semana Epidemiológica	Norte	Nordeste	Sul	Centro Oeste	Sudeste
2022	19	1	1	0	3	0
	20	2	0	4	4	4
	21	0	0	0	1	1
	22	0	3	0	1	0
	23	0	1	0	0	13
	26	1	0	0	0	0
	27	0	0	2	0	0
	28	2	2	0	0	0
	29	18	2	3	2	2
	30	18	7	4	2	2
	31	15	0	6	2	5
	32	6	0	9	0	0
	34	5	1	9	0	2
	35	5	1	2	0	0
	36	0	0	0	1	0
	44	7	0	1	1	1
45	5	0	0	1	2	
2023	1	3	1	0	5	0
	2	3	1	12	6	5
	3	0	0	3	3	2
	18	2	0	0	5	31
	19	0	0	0	0	37
26	0	0	0	0	1	
TOTAL:	23 Semanas	93	20	55	37	108

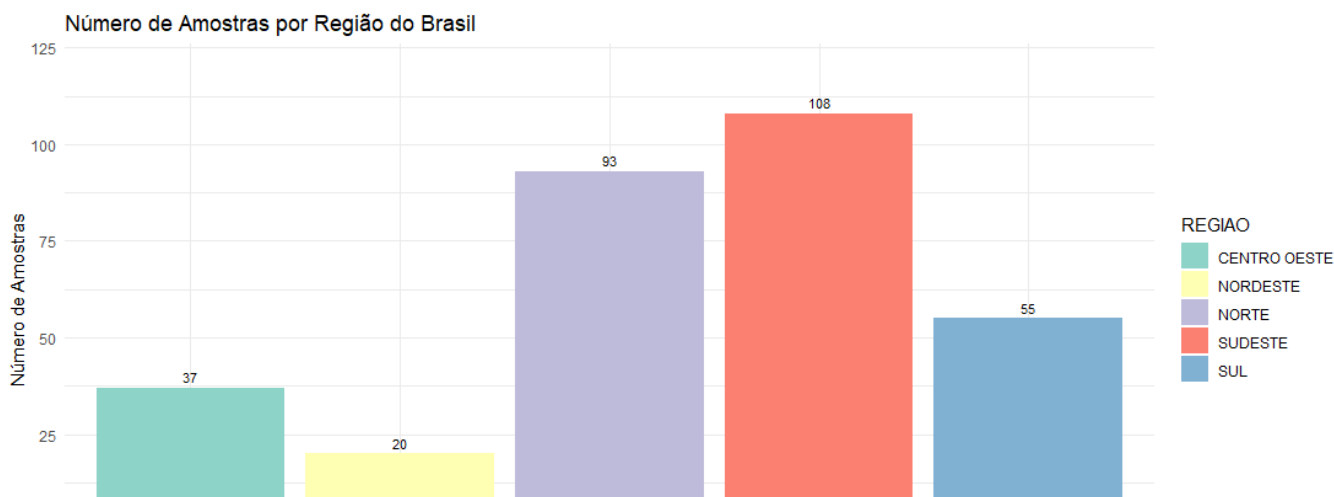


Figura 1 Número de amostras por região do Brasil. Amostras coletadas 11/05/222 e 26/06/2023.

Os genomas montados foram classificados segundo as suas linhagens através do Pangolin tool v.3.1.14 e NextClade web application v.1.7.0. Contabilizamos **78** seqüências com cobertura acima de 70% que foram categorizadas como **BA.5.2.1**, abrangendo **24,92%** da amostragem. A **BA.5.1** é a segunda mais frequente, com **39** seqüências (**12,46%**) (**Figura 2**).

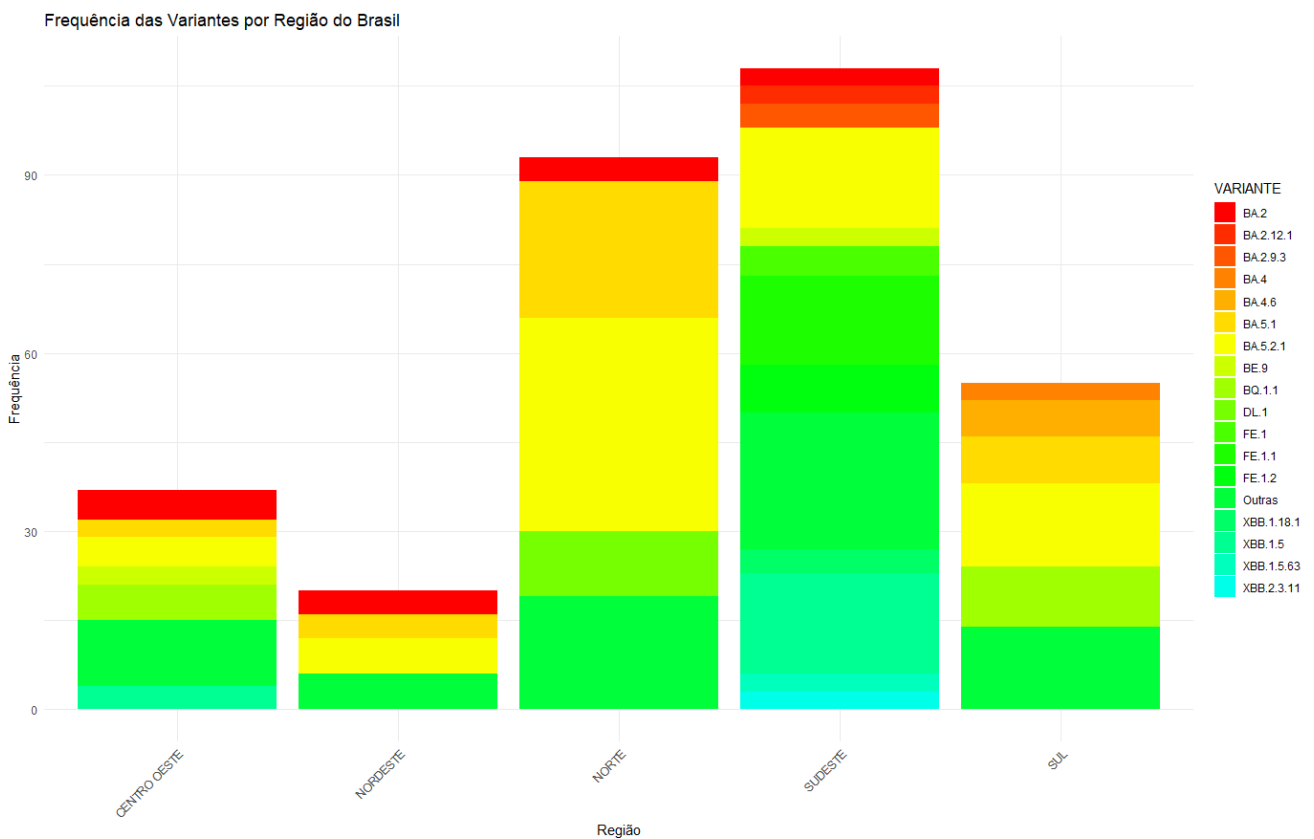


Figura 2 Subvariantes por região do Brasil.

Esses resultados ressaltam a importância da análise de sequências completas do genoma de SARS-CoV-2 extraído de amostras positivas em todas as cinco regiões do Brasil, para a continuidade do monitoramento em tempo real das variantes. O sequenciamento dessas amostras contribui para acompanhar a dispersão e evolução do vírus ao longo do tempo no país. Além disso, o sequenciamento é uma ferramenta muito importante para o monitoramento de variações genéticas que podem estar associadas à gravidade da doença. Portanto, a combinação da vigilância genômica com a vigilância epidemiológica auxilia na tomada de decisões de políticas, contribuindo na orientação de esforços de controle e mitigação de riscos da COVID-19.

Rede Corona-Ômica.BR-MCTI
