

Minas Gerais, 07 de novembro de 2023

**INFORME Nº 07 - 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 amostras coletadas em 9 cidades em Minas Gerais, no período compreendido entre 17/05/2023 e 18/10/2023 e processadas até a presente data.

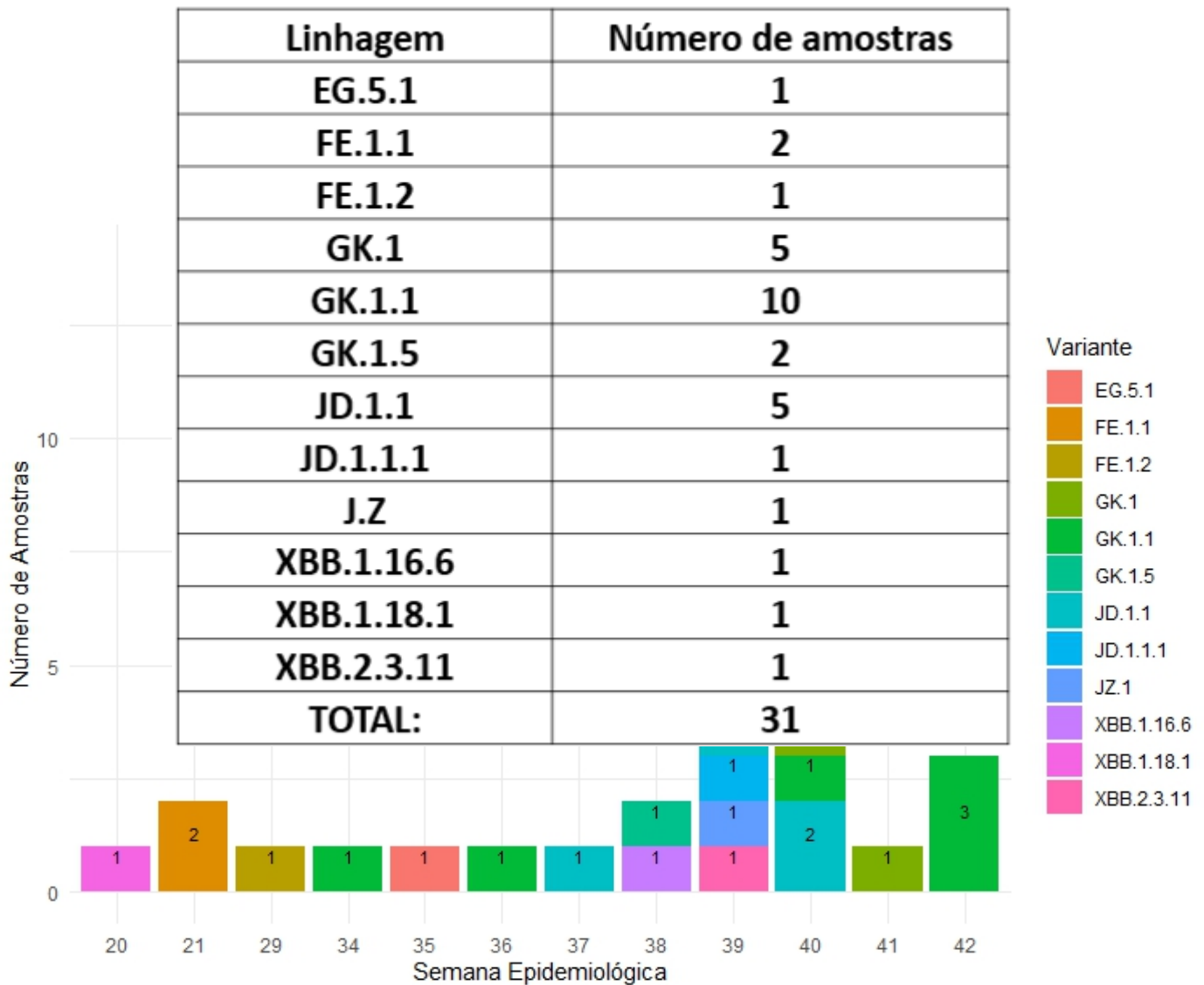
**Tabela 1** - Número de amostras caracterizadas por Município no período entre 17/05/2023 e 18/10/2023

Município	Semanas epidemiológicas 2023												TOTAL
	20	21	29	34	35	36	37	38	39	40	41	42	
São Lourenço	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
lavras	0	2	1	0	1	0	0	1	2	1	0	1	9
Diamantina	0	0	0	1	0	2	1	1	4	1	0	0	10
Carranças	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Eloi Mendes	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2
Itanhandu	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Campanha	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	3
Boa Esperança	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	2	4
Carmo da Cachoeira	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
<b>TOTAL:</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>13</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>3</b>	<b>32</b>

As amostras selecionadas foram utilizadas para síntese de biblioteca genômica e sequenciadas por sequenciamento de próxima geração (NGS - do inglês Next Generation Sequencing) utilizando a plataforma MiSeq (Illumina). 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. No total, o genoma completo de SARS-CoV-2 foi obtido em 32 amostras com mais de 98% de cobertura demonstrando a qualidade das análises realizadas. Ressaltamos que o sequenciamento genômico foi realizado utilizando a nova versão dos primers Artic 5.3.2 mais abrangentes e capazes de identificar as sub-variantes da Omicron como EG.5 e BA.2.86 responsáveis pelo recente aumento no número de casos de COVID-19 no Brasil e no mundo.

Todas foram classificadas como subvariantes da Variante Omicron, onde a maioria das amostras (17) foi caracterizada como GK.1 (53,1%), e uma amostra caracterizada como EG.5, responsável pelo recente aumento no número de casos de COVID-19 no nosso país.

**Tabela 2** - Resultados obtidos a partir do sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 de 32 amostras coletadas nas semanas epidemiológicas 20 a 42 de 2023.



**Figura 1** - Número de amostras caracterizadas por Semana Epidemiológica de acordo com a subvariante de SARS-CoV-2 identificada.

Esses resultados ressaltam a importância da análise de sequências completas do genoma de SARS-CoV-2 extraído de amostras positivas em Minas Gerais, 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 estado. 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**

---