

INFORME Nº 01/2023 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI

06 de janeiro de 2023

**Relatório técnico sobre a circulação de variantes do SARS-CoV-2 no Brasil
Projeto Corona-Ômica-BR****1) Resumo**

O objetivo deste relatório é apresentar uma análise sobre a circulação de variantes do SARS-CoV-2 em 14.435 sequências virais brasileiras depositadas no GISAID no período entre 14 de novembro de 2022 a 1º de janeiro de 2023. Pela classificação atual da OMS foi observada a presença de 3 principais variantes nas sequências mundiais, sendo: 11.045 sequências da variante Ômicron (76,5%), 1.141 da variante Gamma (7,9%) e 959 da variante Delta (6,7%). Além disso, em relação a diversificação e convergência evolutiva das subvariantes da Ômicron, a variante recombinante XBB recentemente emergiu. A XBB é oriunda da recombinação de duas descendentes da BA.2, a BJ.1 e a BM.1.1.1. A XBB já foi identificada em pelo menos 123 países. Em outubro a WHO classificou a XBB como uma subvariante da Ômicron sob monitoramento (Tamura, 2022). Demonstramos nesse relatório a identificação das variantes de SARS-CoV-2 circulantes em diferentes estados brasileiros. Assim, esse informe traz um compilado da situação genômica frente aos dados brasileiros e também a vigilância mundial, novamente demonstrando a importância dessa ferramenta no entendimento e combate à pandemia do SARS-CoV-2.

2) Número total de genomas brasileiros depositados no GISAID

Durante o período entre 14 de novembro de 2022 a 1º de janeiro de 2023 foram depositados 14.435 genomas de SARS-CoV-2 brasileiros no GISAID. Esse número, reforça o trabalho ativo das instituições e pesquisadores brasileiros. Para o download das sequências foram considerados os seguintes filtros: (i) genomas completos, (ii) com alta cobertura e (iii) contendo a informação de localidade (origem). A Tabela 1 apresenta o número de linhagens por estado brasileiro.

Tabela 1 - Número de linhagens por estado brasileiro.

Estado	Linhagens	Número de linhagens	Número de genomas
Acre	BA.1; BA.1.1; BA.1.1.1; BA.1.13; BA.1.14; BA.1.14.1; BA.1.15; BA.1.17.2; BA.1.9; BQ.1.1	10	227
Alagoas	BA.1,14; BA.2; BA.2.9; BA.4; BA.4.1; BA.5.1; BA.5.1.21; BA.5.1.23; BA.5.2.1; BA.5.3.1; BE.9; BF.7; BQ.1.1; BQ.1.1.4; BQ.1.11;DL.1	16	101
Amapá	AY.43; AY.99.2; BA.1; BA.1.1; BA.1.14.1; BA.4; BA.4.1; BA.5.1; BA.5.2; BA.5.2.1; BA.5.2.2; BE.9; BQ.1.1; DL.1; XBB	15	85
Amazonas	BA.1; BA.1.14; VA.2.56; BA.4; BA.4.1; BA.4.6; BA.5; BA.5.1; BA.5.1.2; BA.5.1.22; BA.5.2.1; BA.5.3.1; BE.1.1;BE.3; BE.5; BE.6; BE.7; BE.8; BE.9; BF.12; BF.27; BF.28; BF.33; BF.7; BQ.1.1.18; BQ.1.1.23; DL.1	17	766
Bahia	AY.124; AY.43.2; AY.99.1; AY.99.2; BA.1; BA.1.1; BA.1.14.1; BA.1.14.2; BA.1.15; BA.2.3; BA.2.75; BA.4; BA.4.1; BA.4.6; BA.5; BA.5.1; BA.5.2.1; BA.5.3.1; BE.9; BF.33; BQ.1; BQ.1.1; BQ.1.1.15; BQ.1.17; BQ.1.1.18; BA.1.1.22; BQ.1.1.23; BQ.1.1.24; BQ.1.1.28; BQ.1.1.3; BQ.1.1.4; BA.1.10; BQ.1.12; BQ.1.22; BQ.1.23; BQ.1.3; BQ.1.8; DL.1; XBB; XBB.1; XBB.2; XBB.3	44	447
Ceará	AY.34.1.1; AY.4; AY.43; AY.43.7; AY.99.1; AY.99.2; B.1.617.2; BA.1; BA.1.1; BA.1.1.1; BA.1.1.14; BA.1.14; BA.1.14.1; BA.1.14.2; BA.1.15; BA.1.17.2; BA.2; BA.2.9; BA.4;;	36	594

BA.4.1; BA.4.6; BA.5; BA.5.1;
BA.5.1.15; BA.5.2; BA.5.2.1;
BA.5.2.10; BA.5.2.6; BA.5.3.1;
BE.9; BF.7.4.1; B.1.1;
BQ.1.1.18; BQ.1.10.1;DL.1;
XBB

Distrito Federal	BA.1; BA.4.6; BA.2; BA.5.1; BA.5.1.15;BA.5.1.30; BA.5.2; BA.5.2.1; BA.5.3.1; BE.9; BF.7; BF.7.5; BQ.1; BQ.1.1; BQ.1.1.4; BQ.1.23; CK.1; BQ.1.1.15; DL.1	14	49
Espírito Santo	AY.34.1; AY.99.1; AY.99.2; BA.1; BA.1.1; BA.2; BA.2.75; BA.2.9; BA.4; BA.4.6; BA.5; BA.5.1; BA.5.1.15; BA.1.22; VA.5.2; BA.5.2.1; BA.5.2.20; BA.5.2.22; BA.5.3.1; BE.1.1; BE.9; BF.5; BF.7; BN.3.1; BQ.1; BQ.1.1; BQ.1.1.15; BQ.1.1.17; BQ.1.1.18; BQ.1.1.22; BQ.1.1.3; BQ.1.1.4; BQ.1.10; BQ.1.14; BQ.1.18; BQ.1.2; BQ.1.23; CQ.1; DL.1; P.1; P.2; XBB; XBB.1	43	192
Goiás	AY.99; B.1.617.2; BA.1.14.1; BA.2; BA.2.12.1; BA.2.3; BA.2.56; BA.2.81; BA.2.9.3; BA.4; BA.4.1; BA.5; BA.5.1; BA.5.1.21; BA.5.1.24; BA.5.2.1; BA.5.1.24; BA.5.2.1; BA.5.2.20; BA.5.3.1; BE.1; BE.1.1; BE.6; BE.9; BF.10; BF.31; BQ.1; BQ.1.1; BQ.1.1.15; BQ.1.1.17; BQ.1.1.18; BQ.1.1.22; BQ.1.8; DL.1; XAG; XBB	35	273
Maranhão	BA.1.1; BA.1.14; BA.2.12.1; BA.5; BA.5.1; BA.5.1.15; BA.5.2.1; BA.5.3.1; BE.5; BQ.1.11; BQ.1.2; DL.1	12	54
Mato Grosso	B.1.1.529; B.6; BA.1; BA.1.1.14; BA.1.14.1;	32	238

	BA.1.14.2; BA.2; BA.2.12.1; BA.2.13; BA.2.23; BA.2.39; BA.2.56; BA.2.75; BA.2.9.3; BA.4; BA.4.1; BA.4.6; BA.5.1; BA.5.2; BA.5.2.1; BA.5.2.9; BA.5.3.1; BE.1.1; BE.9; BF.12; BQ.1.1; BQ.1.1.15; BA.1.1.18; CK.1; DL.1; XBB; XBB.1		
Mato Grosso do Sul	AY.99.2; BA.1.1; BA.1.14.1; BA.1.15; BA.1.17.2; BA.2; BA.5.1; BA.5.1.14; BA.5.2.1; BQ.1.1; BQ.1.1.18; BQ.1.15; DL.1; P.1; P.1.7; P.2	16	76
Minas Gerais	AY.100; AY.101; AY.34.1; AY.34.1.1; AY.43.1; AY.34.1.1; AY.43.1; AY.43.7; AY.44; AY.46.3; AY.6; AY.99.1; AY.99.2; B.1.1.529; B.1.1.7; BA.1; BA.1.1; BA.1.1.1; BA.1.1.13; BA.1.1.14; BA.1.14.1; BA.1.14.2; BA.1.15; BA.1.17; BA.1.17.2; BA.1.6; BA.1.9; BA.2; BA.2.12.1; BA.2.3; BA.2.56; BA.2.63; BA.2.67; BA.2.75; BA.2.81; BA.2.9; BA.4; BA.4.1; BA.4.6; BA.5; BA.5.1; BA.5.1.2; BA.5.1.22; BA.5.2; BA.5.2.1; BA.5.2.21; BA.5.2.35; BA.5.3.1; BA.5.6; BE.1.1.1; BE.1.1.2; BE.6; BE.1.1.1; BE.1.1.2; BE.6; BE.9; BF.1; BF.11; BF.2; BF.31; BF.7; BF.7.1; BF.7.4.1; BF.7.5; BN.1.3; BN.1.3.1; BQ.1; BQ.1.1; BQ.1.1.13; BQ.1.1.15; BQ.1.1.17; BQ.1.1.18; BQ.1.1.22; BQ.1.1.26; BQ.1.1.4; BA.1.1.5; B.1.1.6; BA.1.1.7; BQ.1.10; BQ.1.11; BA.1.1.13; BQ.1.14; BQ.1.18; BQ.1.2; BQ.1.22; BQ.1.3; BQ.1.5; BQ.1.8; DL.1; P.1; P.1.7; XBB; XBB.1	91	1318

Pará	BA.1.1; BA.1.14.1; BA.4; BA.4.1; BA.4.6; BA.5.1; BA.5.1.22; BA.5.1.23; BA.5.2; BA.5.2.1; BE.9; DL.1	14	146
Paraíba	BA.1; BA.4.6; BA.5; BE.9; BQ.1.1; BQ.1.1.18; BQ.1.1.19; DL.1	8	88
Paraná	AY.100; AY.101; AY.34; BA.1; BA.1.1; BA.1.1.1; BA.1.1.14; BA.1.14; BA.B.1.14.1; BA.1.15; BA.1.17.2; BA.1.20; BA.2; BA.2.23; BA.2.75; BA.4; BA.4.6; BA.5; BA.5.1; BA.5.3.1; BE.1; BE.9; BF.7; BF.7.5; BQ.1.1; BQ.1.1.19; B.1.1.24; BQ.1.1.28; BQ.1.1.4; CP.1.1; DL.1; XBB.1	31	129
Pernambuco	BA.4.6	1	1
Piauí	BA.1; BA.1.1; BA.1.14.1	3	4
Rio de Janeiro	AY.101; AY.25; AY.5; AY.99.2; B.1; B.1.1.28; B.1.1.33; BA.1; BA.1.1; BA.1.17; BA.2; BA.2.12.1; BA.2.3; BA.2.31; BA.2.5; BA.2.56; BA.2.75; BA.2.81; BA.2.9; BA.2.9.3; BA.4; BA.4.1; BA.4.6; BA.5; BA.5.1; BA.5.2.1; BA.5.2.20; BA.5.2.23; BA.5.3.1; BA.5.5; BA.5.6.4; BE.1.1; BE.1.1.1; BE.1.1.2; BE.6; BE.9; BF.12; BF.15; BF.7; BQ.1; BQ.1.1; BQ.1.1.11; BQ.1.1.13; BQ.1.1.15; BQ.1.1.17; BQ.1.1.18; BQ.1.1.19; BQ.1.1.21; BQ.1.1.22; BQ.1.1.23; BQ.1.1.24; BQ.1.1.26; BQ.1.1.4; BQ.1.1.5; BQ.1.1.7; BQ.1.10; BQ.1.10.1; BQ.1.11; BQ.1.14; BQ.1.18; BQ.1.2; BQ.1.22; BQ.1.23; BQ.1.25; BQ.1.3; CL.1; DL.1; P.1; P.1.12; P.1.14; P.1.15;	79	2352

P.1.2; P.1.7; P.1.8; P.1.9; P.2; XBB; XBB.1			
Rio Grande do Norte	AY.99.1; AY.99.2; BA.1; BA.1.1.1; BA.2; BA.2.12.1; BA.2.56; BA.4; BA.4.1; BA.5.1; BA.5.2; BA.5.3.1; BE.9; BQ.1.1; BQ.1.1.18; BQ.1.1.19; BQ.1.1.22; BQ.1.1.24; BQ.1.1.4; BQ.1.3; DL.1; P.1; P.1.10; P.1.14; P.1.9	27	194
Rio Grande do Sul	AY.101; AY.3; AY.99.1; AY.99.2; B.1.1; B.1.1.28; B.1.1.33; B.1.1.529; B.1.212; B.1.91; BA.1; BA.1.1; BA.1.1.1; BA.1.1.14; BA.1.14; BA.1.14.1; BA.1.14.2; BA.1.15; BA.1.15.1; BA.1.1.17; BA.1.17.2; BA.1.18; BA.1.9; BA.2; BA.2.75; BA.4; BA.4.6; BA.5; BA.5.1; BA.5.1.21; BA.5.2; BA.5.2.1; BA.5.2.10; BA.5.4.3.1; BA.5.9; BE.1; BE.5; BE.9; BF.12; BF.28; BF.31; BF.6; BF.6; BF.7; BN.1.3.1; BQ.1; BQ.1.1; BQ.1.1.18; BQ.1.1.22; BQ.1.23; CK.1; CP.2; P.1; P.1.17; XAG; XBB	56	740
Rondônia	AY.43; AY.99.2; BA.1; BA.1.1; BA.1.1.1; BA.1.14.1; BA.1.14.3; BA.1.17.2; BA.1.9; BA.4; BA.5.1; BA.5.2.1; BE.9	13	109
Roraima	BA.1; BA.1.1.; BA.2; BA.2.23; BA.4; BA.4.1; BA.5.1; BA.5.2.1; BE.5	9	74

Santa Catarina	BA.2.12.1; BA.2.75; BA.4.1; BA.4.6; BA.5.1; BA.5.1.5; BA.5.2; BA.5.2.1; BA.5.2.6; BA.5.3.1; BE.9; BF.28; BF.7; BF.7.5; BQ.1; BQ.1.1; BQ.1.1.13; BQ.1.1.18; BQ.1.1.19; BQ.1.1.2; BA.1.1.22; BQ.1.1.5; BQ.1.1.7; BQ.1.10; BQ.1.11; DL.1; XBB	27	195
São Paulo	AY.100; AY.101; AY.20; AY.25; AY.26; AY.3; AY.34.1.1; AY.43; AY.43.2; AY.46.3; AY.47; AY.5.2; AY.99.2; B.1; B.1.1; B.1.1.161; B.1.1.222; B.1.1.28; B.1.1.33; B.1.1.332; B.1.1.336; B.1.1.378; B.1.1.409; B.1.1.51; B.1.1.7; B.1.1.53; B.1.2; BA.1; BA.1.1; BA.1.1.1; BA.1.1.14; BA.1.13; BA.1.14; BA.1.14.1; BA.1.14.2; BA.1.15; BA.1.17; BA.1.6; BA.1.9; BA.2; BA.2.12.1; BA.2.56; BA.2.75; BA.4; BA.4.1; BA.4.6; BA.5; BA.5.1; BA.5.1.10; BA.5.1.14; BA.5.1.15; BA.5.1.2; BA.5.1.21; BA.5.1.22; BA.5.2; BA.5.2.1; BA.5.2.10; BA.5.3.1; BA.5.5; BA.5.6; BE.1; BE.9; BF.12; BF.7; BQ.1; BQ.1.1.13; BQ.1.1.17; BQ.1.1.18; BQ.1.1.19; BQ.1.1.22; BQ.1.1.26; BA.1.1.3; BQ.1.1.5; BQ.1.10; BQ.1.22; CK.2.1.1; N.9; P.1; P.1.10; P.1.11 P.1.12; P.1.14; P.1.2; P.1.7; P.2; P.4; P.7; XAZ; XBB	88	3044
Sergipe	BA.5.1.21; BE.9; BQ.1.1; BQ.1.1.13; BQ.1.1.19; DL.1	6	22
Tocantins	AY.101; AY.116; AY.124.1; AY.34; AY.42; AY.43; AY.46.3; AY.99.2; BA.1; BA.1.1; BA.1.1.13; BA.1.14.1; BA.1.17.2; BA.2; BA.5.1;	21	141

BA.5.3.1; BE.9; BQ.1; BQ.1.1;
DL.1; P.1.7

3) Detecção das variantes do SARS-CoV-2 no Brasil

A determinação das variantes em circulação foi feita através do programa Pangolin. Foram identificados a circulação de 6 variantes, entre elas as variantes de preocupação (do inglês *variants of concern* - VOC), totalizando 11.045 sequências da variante Ômicron (76,5%), 1.141 da variante Gamma (7,9%) e 959 da variante Delta (6,7%) (até 1º de janeiro de 2023). Aqui cabe uma observação em relação ao tempo de detecção das variantes e o depósito no GISAID. Muitos pesquisadores deixam acumular um certo número de genomas para fazer o depósito de uma vez, após análise das sequências geradas em seus laboratórios e grupos de pesquisa. Nós entendemos esta posição e reforçamos que as análises aqui contidas levam em consideração a data de depósito das sequências.

4) Comparativo com o número de sequências mundiais de SARS-CoV-2

Analisando os genomas virais depositados entre 14 de novembro de 2022 até 1º de janeiro de 2023, totalizando 542.424 sequências em todo o mundo, dentro dos critérios prévios de classificação citados anteriormente. Destes, 4,5% genomas virais oriundos do monitoramento genômico na América do Sul. Já os países europeus depositaram 39,8% (215.850) das sequências. Na tabela 2 apresentamos um compilado por região do número de genomas virais depositados.

Tabela 2. Número de genomas virais depositados no GISAID entre 14 Novembro de 2022 até 1 de janeiro de 2023.

Região	N de sequências	Percentual mundial	Percentual Ômicron em relação ao continente
Europa	215,850	39,8%	90,1%
América do Norte	187,182	34,5%	96,9%
Ásia	91,379	16,9%	96,8%
África	5,347	0,99%	83,4%
Oceania	18,446	3,4%	99,9%
América do Sul	24,250	4,5%	85,4%

Estes dados corroboram com dados previamente publicados pela rede Corona-ômica-BR, os quais apresentaram uma discrepância no monitoramento genômico (Souza et al., 2021).

5) Atualização em relação a variante Ômicron no mundo

Foi realizada uma busca de genomas da variante Ômicron entre o dia 14 de novembro de 2022 e 1º de janeiro de 2023, conforme apresentados na tabela 2. Houve o depósito de **507,926** sequências pertencentes a variante Ômicron. Esses dados demonstram a predominância desta variante no mundo e colocam em alerta as autoridades com a disseminação das subvariantes. Destes, **194,438** sequências na Europa, **4,460** na África, **181,442** na América do Norte, **88,462** na Ásia, **18,419** na Oceania e **20,708** na América do Sul.

6) Atualização das variantes XBB e BQ.1 no Brasil

A compilação de dados no período de vigência desse relatório reportou a identificação da variante recombinante da Ômicron XBB nos seguintes estados brasileiros: Amapá, Bahia, Ceará, Espírito Santo, Goiás, Mato Grosso, Minas Gerais, Paraná, Rio Grande do Sul, Rio de Janeiro, Santa Catarina e São Paulo. Em relação a circulação das outras variantes, a figura 1 demonstra a frequência em relação ao tempo. Os dados mostram um percentual em 2022 de 0,2% da XBB em outubro, 0,9% em novembro e 2,6% em dezembro em relação as

amostras brasileiras positivas. Já para a variante BQ.1, ela foi observada em todos os estados brasileiro a exceção de Pará, Pernambuco, Piauí, Rondônia e Roraima. Apesar da não identificação, reforçamos que a vigilância genômica/número de genomas reportados nestas localidades foi mais baixa em relação a outros estados (Figura 1). A BQ.1 também é uma variante da Ômicron e é a mesma cepa que circula na Europa e causou um aumento significativo das infecções na França por exemplo. Dentre as mutações descritas, a variante apresenta a mutação R346T que também é encontrada na subvariante BA.5, associada a estudos de escape imune significativo (Khadija Khan, 2022). Estes dados reforçam a importância do esquema vacinal completo.

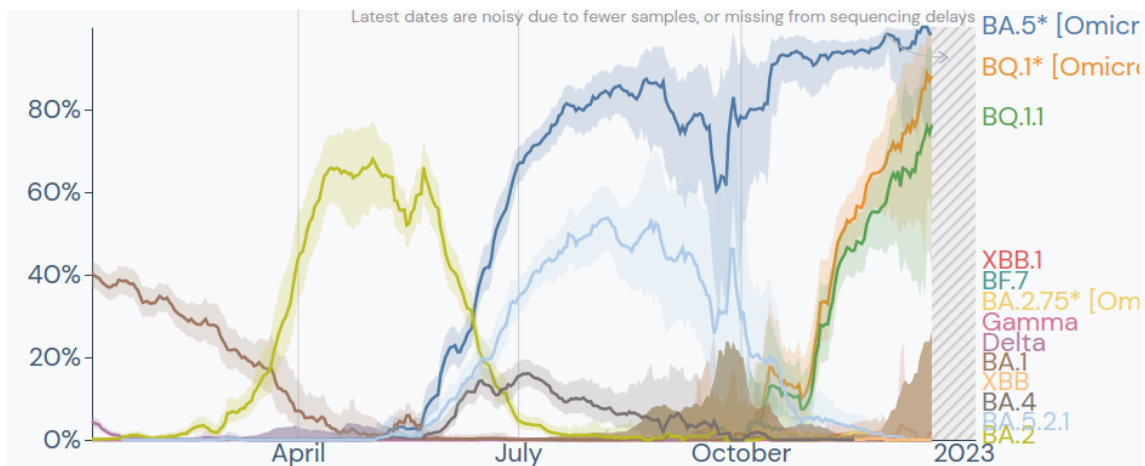


Figura 1. Gráfico temporal da frequência de variantes mais relevantes no Brasil entre janeiro 2022 até este início de 2023. Esta figura foi gerada no *dashboard* do site agregador de dados outbreak.info (disponível em: <https://outbreak.info/location-reports?loc=BRA>).

7) Agradecimentos

Os autores deste boletim agradecem aos demais membros de pesquisa envolvidos na geração de genomas dos SARS-CoV-2. Este é um trabalho conjunto e entendemos a importância de utilizar dados gerados não só pela rede Corona-ômica-BR, mas também gerados por todos os pesquisadores brasileiros envolvidos no enfrentamento e entendimento da disseminação do vírus. A lista completa dos números de acesso na plataforma GISAID bem como a referência

dos autores e seus respectivos grupos de pesquisa encontra-se disponível no GISAID.

Autoria: Santos, R.N.¹; Souza, U.J.B.¹; Lourenço, K.L.²; Campos, F.S.¹; Rede Corona-ômica.BR/MCTI³

1- Laboratório de Bioinformática & Biotecnologia, Campus de Gurupi, Universidade Federal do Tocantins, Gurupi 77402-970, TO, Brasil.

2- Laboratório de Virologia Básica e Aplicada (LVBA), Instituto de Ciências Biológicas, Departamento de Microbiologia, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte 31270-901, MG, Brasil.

3 - Laboratório de Microbiologia Molecular, Universidade FEEVALE, Rodovia ERS-239, no.2755, Prédio Vermelho, Piso 1/sala 103, Vila Nova, Novo Hamburgo, 93525075, RS, Brasil.

8) Referências

Elbe S, Buckland-Merrett G. 2017. Data, disease and diplomacy: GISAID's innovative contribution to global health. *Global Challenges*, 1:33-46. DOI:10.1002/gch2.1018.

Hadfield J, Megill C, Bell SM, Huddleston J, Potter B, Callender C, Sagulenko P, Bedford T, Neher RA. 2018. Nextstrain: real-time tracking of pathogen evolution. *Bioinformatics*. 34(23):4121-4123. DOI: 10.1093/bioinformatics/bty407.

Rambaut A, Holmes EC, O'Toole Á, et al. 2020. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol* 5, 1403-1407. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>.

Shu Y, McCauley J. 2017. GISAID: Global initiative on sharing all influenza data - from vision to reality. *EuroSurveillance*, 22(13) DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.13.30494.

Souza, Ueric J.B., Raíssa N. dos Santos, Fabrício S. Campos, Karine L. Lourenço, Flavio G. da Fonseca, Fernando R. Spilki, and Corona-ômica.BR/MCTI Network. 2021. "High Rate of Mutational Events in SARS-CoV-2 Genomes across Brazilian Geographical Regions, February 2020 to June 2021" *Viruses* 13, no. 9:1806. <https://doi.org/10.3390/v13091806>



WHO. Tracking SARS-CoV-2 Variants. Disponível online: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> (acessado em 29 de novembro de 2022).