

Comunicado 019

13 de fevereiro de 2023

O Observatório de Vigilância Genômica de Minas Gerais (OViGenMG) é uma iniciativa de vigilância genômica com o objetivo de monitorar as variantes do SARS-CoV-2 no Estado de Minas Gerais. O OViGenMG 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 OViGenMG conta com financiamento dos Laboratórios de Campanha e Rede Corona-ômica-MCTI (Rede Vírus-MCTI), Cooperativa de Laboratórios da UFMG (Coolabs) e da FUNED.

Neste comunicado relatamos a situação das variantes do SARS-CoV-2 a partir da análise de amostras colhidas em 13 Unidades Regionais de Saúde de Minas Gerais, no período compreendido entre 20/11/2022 e 31/12/2022 e processadas até a presente data.

Tabela 1 - Número de amostras caracterizadas por Unidade Regional de Saúde no período entre 20/11/2022 e 31/12/2022

Regionais de Saúde	Semanas epidemiológicas 2022					Total
	47	48	49	50	52	
Belo Horizonte	2	3	3	2	0	10
Coronel Fabriciano	3	0	0	0	0	3
Diamantina	0	3	0	3	1	7
Juiz de Fora	3	3	3	3	3	15
Manhuaçu	0	1	0	0	0	1
Montes Claros	3	1	2	2	1	9
Pirapora	0	0	3	2	0	5
Pouso Alegre	3	3	3	2	0	11
São João Del Rei	1	0	0	2	0	3
Teófilo Otoni	0	3	3	3	0	9
Uberaba	1	2	0	0	0	3
Unai	0	1	0	2	0	3
Varginha	3	3	3	3	1	13
Total	19	23	20	24	6	92

As amostras selecionadas foram utilizadas para síntese de biblioteca genômica e sequenciadas por sequenciamento de próxima geração (NGS - do inglês Next Generation Sequencing). 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. Os resultados obtidos (Tabela 2) demonstram que a maioria das amostras (70) foi caracterizada com as subvariantes BQ.1 (76%), sete amostras da linhagem BE.10 (7,6%), seis amostras DL.1 (6,5%), cinco amostras BE.9 (5,4%), duas amostras das subvariantes BN (2,2%), uma amostra da subvariante CL.1 (1%) e uma amostra da subvariante recombinante XAN (1%).

Tabela 2 - Resultados obtidos a partir do sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 de 92 amostras coletadas nas semanas epidemiológicas 47 a 52.

Linhagens	Número de amostras	URS de detecção
BE.10	7	JF; MOC; POU; VAR
BE.9	5	BH; JF; VAR
BN.1.3.1	1	SJDR
BN.1.5.1	1	JF
BQ.1	4	BH; MOC; POU
BQ.1.1	51	BH; CFR; DIA; JF; MOC; PIR; POU; SJDR; URA; UNAI; VAR
BQ.1.1.13	2	BH
BQ.1.1.4	2	BH; POU
BQ.1.10.1	2	POU
BQ.1.2	1	JF
BQ.1.24	7	DIA; JF; POU; TO; VAR
BQ.1.3	1	JF
CL.1	1	PIR
DL.1	6	BH; CRF; MAN; SJDR; URA
XBB	1	POU
Total Geral	92	-

Legenda: BH (Belo Horizonte); CFR (Coronel Fabriciano); DIA (Diamantina); JF (Juiz de Fora); MAN (Manhuaçu); MOC (Montes Claros); POU (Pouso Alegre); PIR (Pirapora); SJDR (São João Del Rei); URA (Uberaba); UNAI (Unai); VAR (varginha).

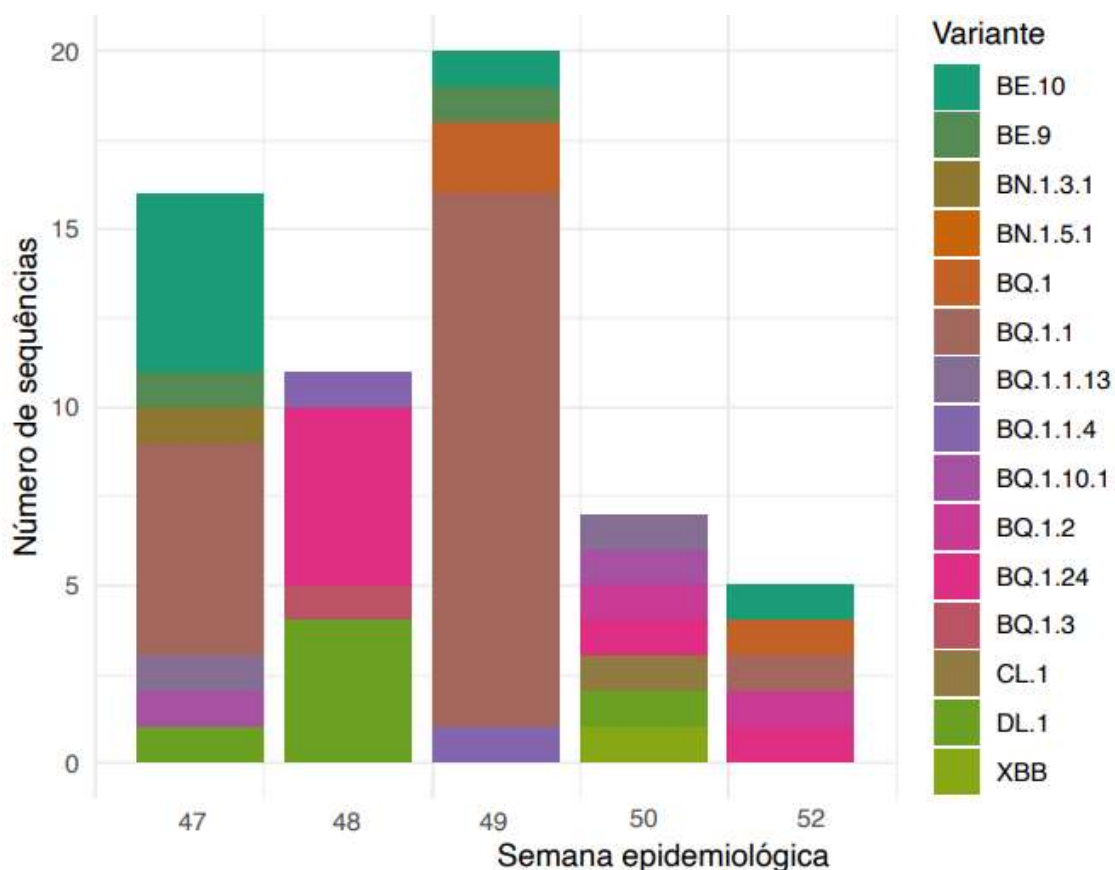


Figura 1 - Número de amostras caracterizadas por Semana Epidemiológica de acordo com a subvariante identificada.

A variante **BN.1.5.1** ainda não havia sido identificada no Brasil¹, considerando os dados da Rede Genômica da Fiocruz. Essa variante foi descrita pela primeira vez em outubro de 2022 na Nova Zelândia, onde apresenta maior frequência de notificação, e desde então foi notificada na Austrália, Canadá, Estados Unidos e Japão. A amostra identificada com esta sub variante foi coletada no mês de **novembro** na Regional de Saúde de **Juiz de Fora**.

A variante **BE.10**, ainda não havia sido identificada em **Minas Gerais**¹. Foi descrita pela primeira vez em dezembro de 2022 no estado de São Paulo e apresenta maior frequência de notificações no Brasil. Sete amostras analisadas foram caracterizadas com essa variante e pertencem a municípios das Regionais de Saúde de **Juiz de Fora**, **Montes Claros**, **Pouso Alegre** e **Varginha**.

¹ Considerados os dados da Rede Genômica da Fiocruz, disponível em: <https://www.genomahcov.fiocruz.br/> Acesso em 02/02/2022

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.