

## Comunicado 025

15 de Janeiro de 2024

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 25 cidades em quatro regiões do Brasil, no período compreendido entre 16/05/2022 e 02/09/2022 e processadas até a presente data.

MUNICÍPIO	ESTADO	SEMANAS EPIDEMIOLÓGICAS 2022											TOTAL:
		20	22	23	29	30	31	36	46	47	49	50	
Araruama	RJ	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Belém	PA	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	6
Belo Horizonte	MG	0	0	0	0	0	0	0	1	5	1	3	10
Brasília	DF	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	3
Campos dos Goytacazes	RJ	0	5	0	2	0	0	1	0	0	0	0	8
Duque de Caxias	RJ	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Formosa	GO	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Goianésia	GO	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2
Goiânia	GO	0	4	0	1	0	0	2	0	0	0	0	7
Hidrolândia	GO	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Ipameri	GO	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Londrina	PR	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2
Macaé	RJ	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Macapá	AP	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2
Montenegro	RS	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	2
Mutunópolis	GO	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Niterói	RJ	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Palhoça	SC	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Porto Alegre	RS	11	9	0	1	2	0	9	0	0	0	0	32
Porto Velho	RO	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Santa Rosa	RS	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Senador Canedo	GO	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Três Lagoas	MS	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trindade	GO	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2
Vilhena	RO	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
<b>TOTAL:</b>	///////	17	28	2	6	9	1	20	1	5	1	3	93

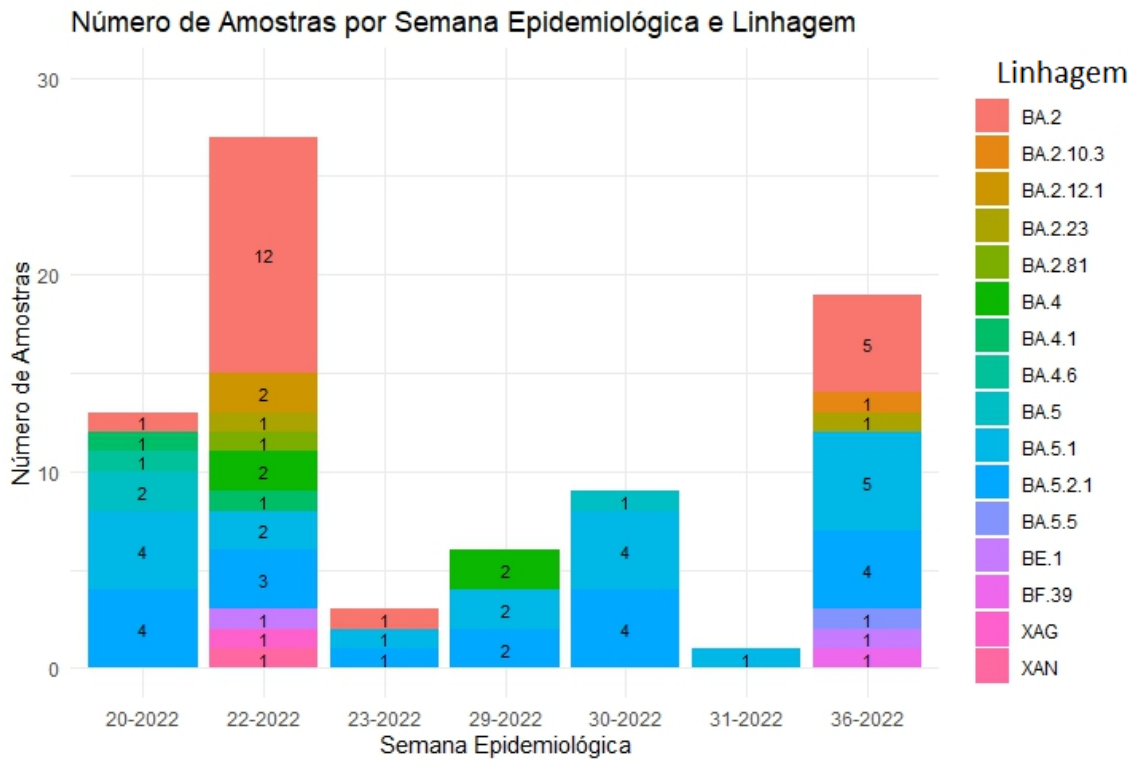
**Tabela 1** - Número de amostras caracterizadas por Município no período entre 16/05/2022 e 02/09/2022

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 **93** amostras, onde 43 obtiveram cobertura superior a 70%, e **78** foram alinhadas.

Todas as 78 amostras alinhadas foram classificadas como subvariantes da Variante Omicron, onde 19 amostras foram caracterizadas como BA.2, 19 como BA.5.1, e 18 como BA.5.2.1.

**Tabela 2** - Resultados obtidos a partir do sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 de 78 amostras coletadas nas semanas epidemiológicas 20 a 50 de 2022.

Linhagem	Número de amostras
BA.2	19
BA.2.10.3	1
BA.2.12.1	2
BA.2.23	2
BA.2.81	1
BA.4	4
BA.4.1	2
BA.4.6	1
BA.5	3
BA.5.1	19
BA.5.2.1	18
BA.5.5	1
BE.1	2
BF.39	1
XAG	1
XAN	1
<b>Total:</b>	<b>78</b>



**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.