

Comunicado 026

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 4 cidades em Minas Gerais, no período compreendido entre 09/11/2023 e 06/12/2023 e processadas até a presente data.

MUNICÍPIO	Semanas epidemiológicas 2023					total:
	45	46	47	48	49	
Carbonita	0	0	0	2	0	2
Diamantina	3	2	7	3	3	18
Jenipapo de Minas	0	0	0	1	0	1
lavras	0	0	6	0	1	7
Total:	3	2	13	6	4	28

Tabela 1 - Número de amostras caracterizadas por Município no período entre 09/11/2023 e 06/12/2023.

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 **28** amostras, onde **27** apresentaram cobertura superior a 97% 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 (12) foi caracterizada como JD.1.1 (42,85%) e duas amostras caracterizadas como EG.5.1, 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 45 a 49 de 2023.

Linhagem	Número de amostras
BA.4.6	1
EG.5.1	2
GJ.5	1
GK.1	1
GK.1.1	6
JD.1.1	12
JD.1.1.1	3
JZ.1	1
XBB.1.16.6	1
Total:	28

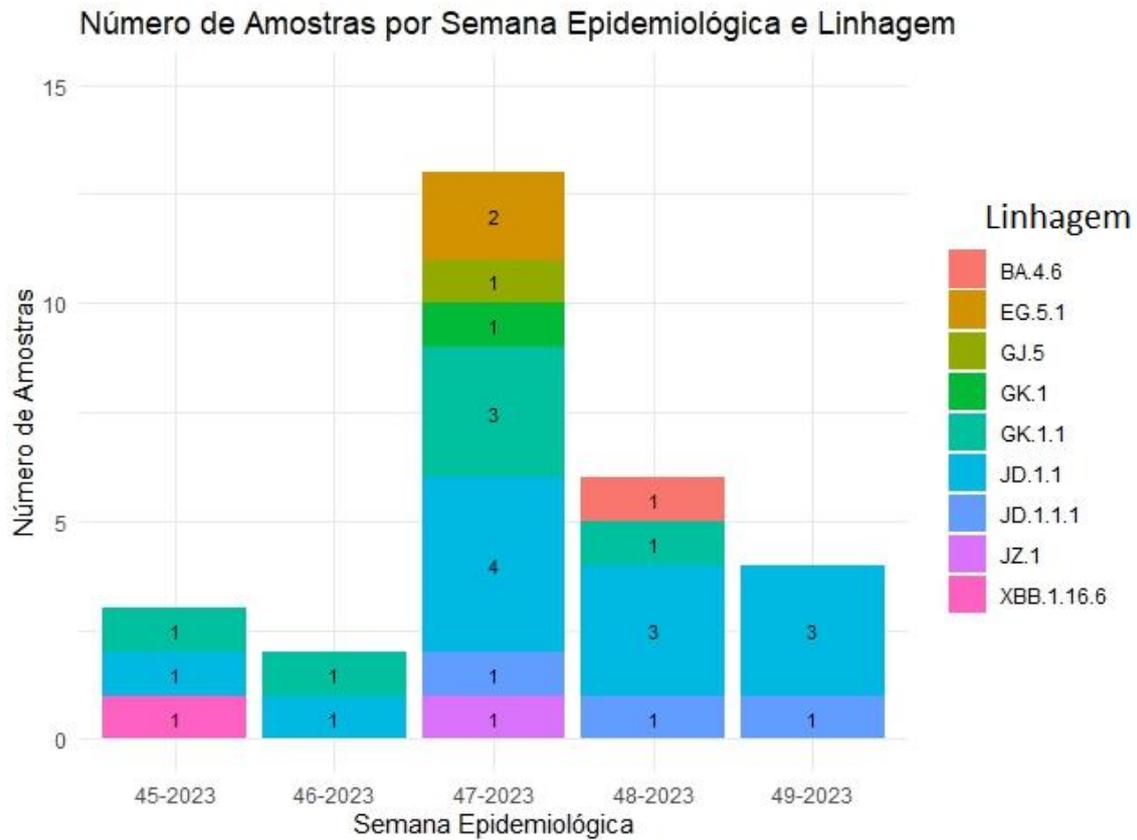


Figura 1 - Número de amostras caracterizadas por Semana Epidemiológica de acordo com a subvariante de SARS-CoV-2 identificada.

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.