

Comunicado 009

17 de janeiro de 2022

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 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), Grupo Hermes Pardini e da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais (SES-MG). Este projeto conta com financiamento dos Laboratórios de Campanha e Rede Corona-ômica-MCTI (Rede Vírus-MCTI), Cooperativa de Laboratórios da UFMG (Coolabs) e da FUNED.

O surgimento da variante Ômicron de SARS-CoV-2 tem sido acompanhada com um aumento progressivo na transmissão e de casos positivos para COVID-19. Os primeiros casos de introdução da variante Ômicron no nosso país datam do final de novembro (23/11/2021) em São Paulo em pacientes retornando da África do Sul. Desde então, diversos estados já confirmaram a circulação desta variante demonstrando a circulação comunitária da Ômicron no Brasil.

Para avaliar o crescimento das principais variantes virais em escala nacional estabelecemos o programa de Vigilância de SARS-CoV-2 com o setor de Pesquisa e Desenvolvimento (P&D) do Instituto Hermes Pardini (HP) em colaboração com o Laboratório de Biologia Integrativa (LBI) da UFMG, Rede Vírus-MCTI e Rede Corona-Ômica BR-MCTI. Desde o início da pandemia esse programa de vigilância genômica de SARS-CoV-2 tem contribuído para os estudos de dispersão das variantes Alfa, Gama, Delta e agora Ômicron no território nacional com a publicação de diversos artigos científicos relacionados ao tema, além do depósito de sequências no banco de dados GISAID.

Dentre as 50 mutações identificadas na variante Ômicron, 36 estão localizadas no gene da espícula ou “spike” (S), sendo a deleção do aminoácido 69/70 responsável pela falha de detecção do gene S (*S gene target failure*, SGTF) em kits de diagnósticos que utilizam iniciadores e sondas específicos para esta região genômica. Amostras com SGTF podem ser, portanto, utilizadas como marcador da variante Ômicron. O diagnóstico de COVID-19 realizado no Instituto Hermes Pardini utilizando o kit TaqPath COVID-19 da Thermo Fisher permite identificar amostras SGTF com precisão sem afetar a sensibilidade do teste, visto que o kit detecta mais outras duas regiões genômicas do SARS-CoV-2 (N e ORF1ab) nos testes de diagnósticos realizados pelo Instituto Hermes Pardini que utiliza o kit TaqPath COVID-19 da ThermoFisher. A falha de detecção no gene S, identificada pelo kit TaqPath COVID-19 não inviabiliza o diagnóstico de COVID-19 visto que o kit detecta mais duas outras

regiões genômicas do SARS-CoV-2 (N e ORF1). Entretanto, a falha do gene S em amostras com Ct do gene N menor que 30 é indicativo da deleção 69/70 e sugestivo da variante Ômicron.

Dentre as 50 mutações identificadas na variante Ômicron, 36 estão localizadas no gene da espícula ou “spike” (S), sendo a deleção na posição do aminoácido 69/70 responsável pela falha de detecção do gene S (*S gene target failure*, SGTF).

Neste relatório monitoramos a falha de detecção do gene S em um total de **208.480 amostras** distribuídas entre **01/11/2021 até 06/01/2022** nas 27 unidades federativas brasileiras incluindo: **AC, AL, AM, AP, BA, CE, DF, ES, GO, MA, MG, MS, MT, PA, PB, PE, PI, PR, RJ, RN, RO, RR, RS, SC, SE, SP e TO** (Tabela 1). O nosso script de análise inclui apenas amostras positivas por RT-PCR com valores de Ct do gene N inferior a 30 afim de excluir amostras indeterminadas onde a falha do gene S pode ocorrer devido à baixa carga viral na amostra e não por mutação na posição 69/70 característica da variante Ômicron.

A

MÊS	TOTAL REALIZADO	TOTAL POSITIVO	% DE POSITIVO	TOTAL SGTF	ESTADO	POSITIVO/ESTADO	SGTF /ESTADO	SGTF /POSITIVO (%)	SGTF/TOTAL POSITIVO (%)
NOVEMBRO	73868	3912	5,3	135	AC	7	1	14,29	3,45
					AL	1	0	0,00	
					AM	10	0	0,00	
					AP	9	0	0,00	
					BA	158	3	1,90	
					CE	28	1	3,57	
					DF	68	2	2,94	
					ES	26	0	0,00	
					GO	116	5	4,31	
					MA	1	0	0,00	
					MG	2121	84	3,96	
					MS	2	0	0,00	
					MT	5	0	0,00	
					PA	195	3	1,54	
					PB	35	1	2,86	
					PE	125	0	0,00	
					PI	2	0	0,00	
					PR	32	0	0,00	
					RJ	126	6	4,76	
					RN	23	0	0,00	
					RO	105	1	0,95	
					RR	6	0	0,00	
					RS	224	3	1,34	
					SC	1	0	0,00	
					SE	0	0	0,00	
					SP	432	22	5,09	
					TO	54	3	5,56	

B

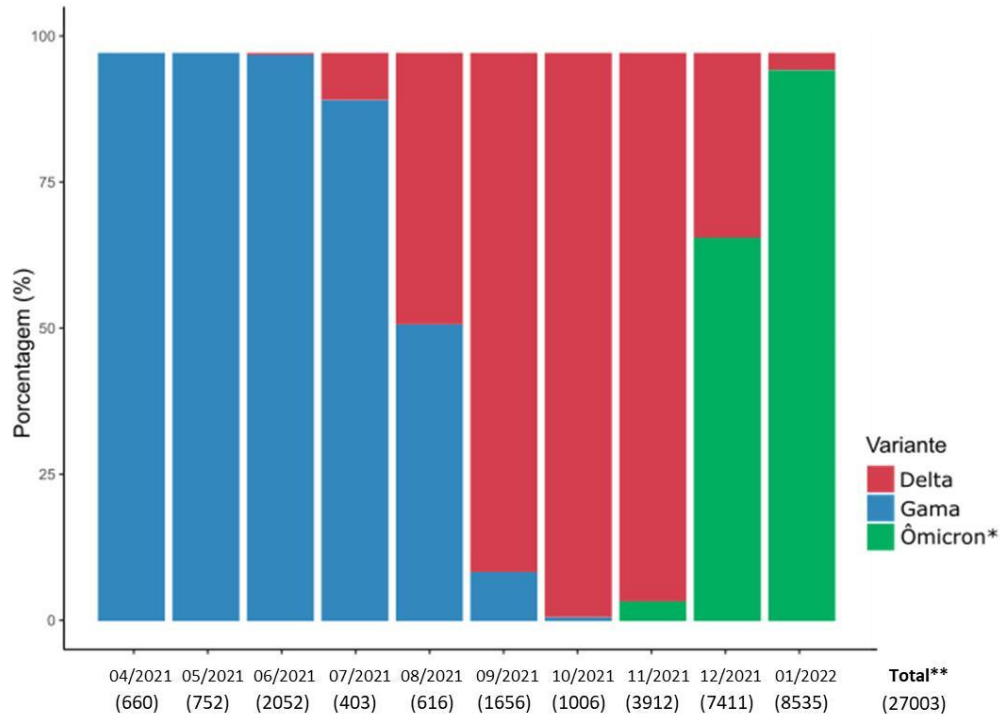
MÊS	TOTAL REALIZADO	TOTAL POSITIVO	% DE POSITIVO	TOTAL SGTF	ESTADO	POSITIVO/ESTADO	SGTF /ESTADO	SGTF /POSITIVO (%)	SGTF/TOTAL POSITIVO (%)
JANEIRO (Dias 1-6)	27298	8535	31,3	8275	AC	2	2	100,0	96,95
					AL	0	0	0,0	
					AM	1	0	0,0	
					AP	5	1	20,0	
					BA	74	52	70,3	
					CE	12	11	91,7	
					DF	75	66	88,0	
					ES	4	1	25,0	
					GO	361	334	92,5	
					MA	1	0	0,0	
					MG	5729	5611	97,9	
					MS	8	8	100,0	
					MT	10	9	90,0	
					PA	22	15	68,2	
					PB	8	7	87,5	
					PE	11	7	63,6	
					PI	0	0	0,0	
					PR	49	47	95,9	
					RJ	599	590	98,5	
					RN	3	3	100,0	
					RO	3	3	100,0	
RR	4	2	50,0						
RS	36	34	94,4						
SC	6	6	100,0						
SE	0	0	0,0						
SP	1477	1437	97,3						
TO	35	29	82,9						

C

MÊS	TOTAL REALIZADO	TOTAL POSITIVO	% DE POSITIVO	TOTAL SGTF	ESTADO	POSITIVO/ESTADO	SGTF /ESTADO	SGTF /POSITIVO (%)	SGTF/TOTAL POSITIVO (%)
DEZEMBRO	107314	7411	6,9	5001	AC	16	2	12,50	67,48
					AL	0	0	0,00	
					AM	8	2	25,00	
					AP	51	5	9,80	
					BA	182	38	20,88	
					CE	25	6	24,00	
					DF	133	59	44,36	
					ES	31	9	29,03	
					GO	500	401	80,20	
					MA	2	0	0,00	
					MG	4186	3176	75,87	
					MS	2	1	50,00	
					MT	13	4	30,77	
					PA	296	16	5,41	
					PB	22	3	13,64	
					PE	76	6	7,89	
					PI	4	0	0,00	
					PR	39	19	48,72	
					RJ	190	130	68,42	
					RN	10	4	40,00	
					RO	139	15	10,79	
RR	9	1	11,11						
RS	78	15	19,23						
SC	6	6	100,00						
SE	2	1	50,00						
SP	1299	1071	82,45						
TO	92	11	11,96						

Tabela 1: Amostras suspeitas de Ômicron nos meses de novembro/2021 (A), dezembro/2021 (B) e janeiro/2022 (C) detectadas pela falha no gene S utilizando o kit TaqPath COVID-19 da ThermoFisher em amostras positivas por RT-PCR para SARS-CoV-2 das unidades do Instituto Hermes Pardini nas 27 unidades federativas.

O programa de vigilância genômica de SARS-CoV-2 realizado pelo HP, UFMG, MCTI e Rede Vírus em âmbito nacional demonstra a rápida substituição da variante delta de SARS-CoV-2 pela Ômicron em todo o Brasil (Fig. 2).



*Resultado provável de variante Ômicron devido falha na amplificação do gene S (SGTF).

**Total de amostras positivas avaliadas.

Figura 2: Dinâmica das variantes de SARS-CoV-2 no Brasil ao longo dos anos de 2021 e 2022. Nesse gráfico mostramos o programa de vigilância de SARS-CoV-2 que tem avaliado as VOCs desde abril de 2021 em todo o território nacional. As variantes gama e delta foram identificadas por genotipagem utilizando sondas e iniciadores específicos para as mutações definidoras de suas linhagens (K417N, E484K e N501Y). A variante Ômicron foi definida pela falha do gene S no kit TaqPath COVID-19 da ThermoFisher indicativo da presença da deleção 69/70 no gene da espícula viral. As 27 unidades federativas brasileiras (AC, AL, AM, AP, BA, CE, DF, ES, GO, MA, MG, MS, MT, PA, PB, PE, PI, PR, RJ, RN, RO, RR, RS, SC, SE, SP e TO) foram incluídas nestas análises. A porcentagem relativa de cada variante sobre o total de amostras genotipadas em cada mês são apresentados nos parênteses abaixo de cada barra.

O mais impressionante destas análises foi o intervalo de tempo que a variante Ômicron demorou para alcançar 100% dos casos positivos em relação às outras variantes de SARS-CoV-2 (Fig. 2). **As nossas análises prévias demonstraram que a variante delta demorou cerca 20 semanas a partir da sua detecção inicial para alcançar 100% dos casos positivos. Enquanto, a variante Ômicron em 6 semanas a partir da sua detecção inicial alcançou cerca de 97% dos casos de COVID-19 no**

Brasil. Esses resultados reforçam a superioridade de transmissão da variante Ômicron relativa às demais variantes de *SARS-CoV-2* identificadas no Brasil.

Desta forma, recomendamos, que as providências cabíveis sejam tomadas pelos órgãos estaduais e federais competentes no controle da dispersão das variantes de *SARS-CoV-2* em território brasileiro e agradecemos a colaboração dos laboratórios envolvidos.