

Comunicado 016

18 de julho de 2022

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 os resultados obtidos a partir do sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 de amostras colhidas em 15 Gerências Regionais de Saúde (GRS) de Minas Gerais, no período compreendido entre 01/01/2022 e 26/05/2022.

Foram selecionadas 36 amostras, previamente genotipadas através da análise do gene Nsp6 (proteína não estrutural 6), que pode ter a mutação del105-107, e o gene que codifica a proteína Spike (S), que pode ter a mutação del69/70. Amostras portadoras de mutações del105-107 e del69/70 foram classificadas como ômicron BA.1, e amostras portadoras da mutação del105-107 mas não da mutação del69/70 foram classificadas como ômicron BA.2.

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 foram: 14 amostras variante ômicron BA.1; 5 amostras variante ômicron BA.1.1; 2 amostras variante ômicron BA.1.14; 1 amostra variante ômicron BA.1.14.1; 12 amostras variante ômicron BA.2 e 2 amostras variante ômicron BA.2.9 (Figura 1 e Tabela 1).

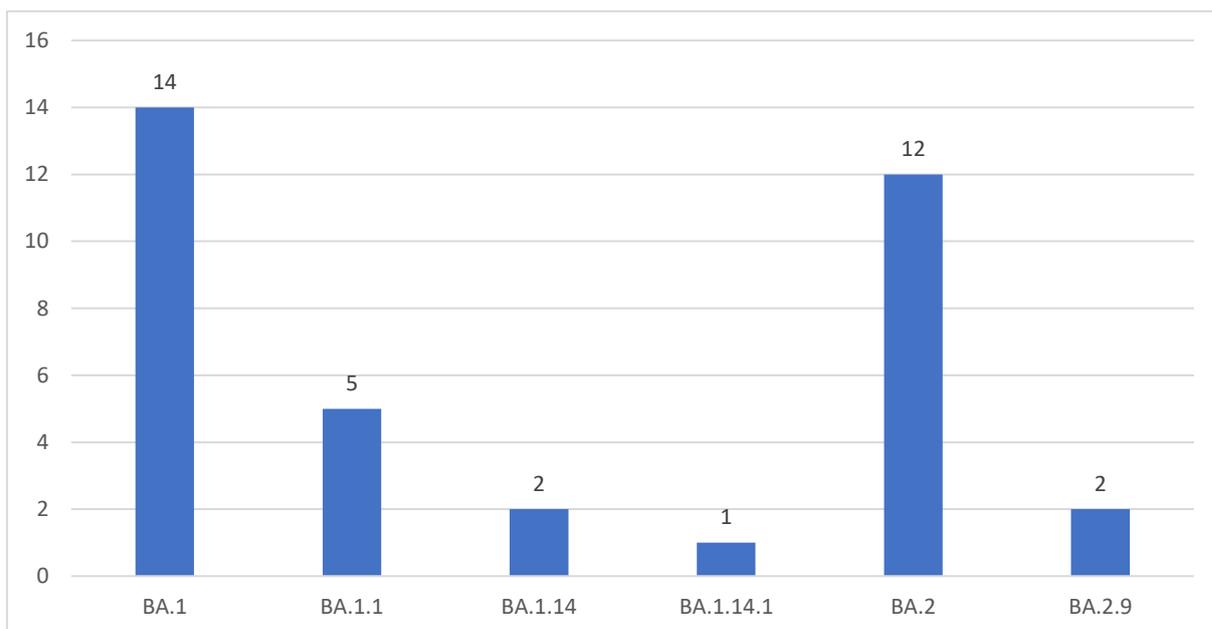


Figura 1: Resultados obtidos a partir do sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 de 36 amostras provenientes de 15 Gerências Regionais de Saúde (GRS) de Minas Gerais no período compreendido entre e 01/01/2022 e 26/05/2022.

Tabela 1: Resultados obtidos a partir do sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 de 36 amostras provenientes de 15 Gerências Regionais de Saúde (GRS) de Minas Gerais no período compreendido entre e 01/01/2022 e 26/05/2022.

GENÓTIPO CONFIRMADO	DATA DA COLETA	MUNICÍPIO	SEMANA EPIDEMIOLÓGICA
BA.1.14	01/01/2022	DIVISOPOLIS	52 (2021)
BA.1	05/01/2022	SIMONESIA	1
BA.1	05/01/2022	SÃO JOAO DO PACUI	1
BA.1	06/01/2022	MONTES CLAROS	1
BA.1.1	06/01/2022	MONTES CLAROS	1
BA.1	06/01/2022	SANTO ANTONIO DO RETIRO	1
BA.1	11/01/2022	SIMONESIA	2
BA.1.1	17/01/2022	MANHUACU	3
BA.1.14	18/01/2022	MIRABELA	3
BA.1	20/01/2022	PIRAPORA	3
BA.1.14.1	21/01/2022	PIRAPORA	3
BA.1	24/01/2022	FARIA LEMOS	4
BA.1	24/01/2022	JAIBA	4
BA.1	24/01/2022	MEDINA	4
BA.1.1	30/01/2022	MANHUACU	4
BA.1	30/01/2022	CATUTI	5
BA.1	31/01/2022	PEDRA AZUL	5
BA.1	06/02/2022	MANHUACU	6
BA.1.1	06/02/2022	JANAUBA	6

GENÓTIPO CONFIRMADO	DATA DA COLETA	MUNICÍPIO	SEMANA EPIDEMIOLÓGICA
BA.1	13/02/2022	JOAQUIM FELICIO	7
BA.1.1	14/02/2022	DIVINO	7
BA.1	18/02/2022	JEQUITINHONHA	7
BA.2	08/05/2022	SENADOR MODESTINO GONÇALVES	19
BA.2	08/05/2022	SERRO	19
BA.2	09/05/2022	DIAMANTINA	19
BA.2	10/05/2022	DIAMANTINA	19
BA.2	17/05/2022	SENADOR MODESTINO GONÇALVES	20
BA.2	18/05/2022	JUIZ DE FORA	20
BA.2	19/05/2022	SENADOR MODESTINO GONÇALVES	20
BA.2	19/05/2022	DIAMANTINA	20
BA.2.9	20/05/2022	JUIZ DE FORA	20
BA.2	20/05/2022	JUIZ DE FORA	20
BA.2.9	21/05/2022	JUIZ DE FORA	20
BA.2	23/05/2022	JUIZ DE FORA	21
BA.2	24/05/2022	JUIZ DE FORA	21
BA.2	26/05/2022	DIAMANTINA	21

Esses resultados confirmam a necessidade de continuar avaliando a disseminação e evolução das variantes do SARS-CoV-2 em Minas Gerais por meio do sequenciamento do genoma completo do vírus. Os resultados do sequenciamento são importantes para entender o progresso de novas variantes do SARS-CoV-2 em Minas Gerais, facilitando assim as políticas de saúde pública que ajudarão a mitigar a COVID-19 no estado.