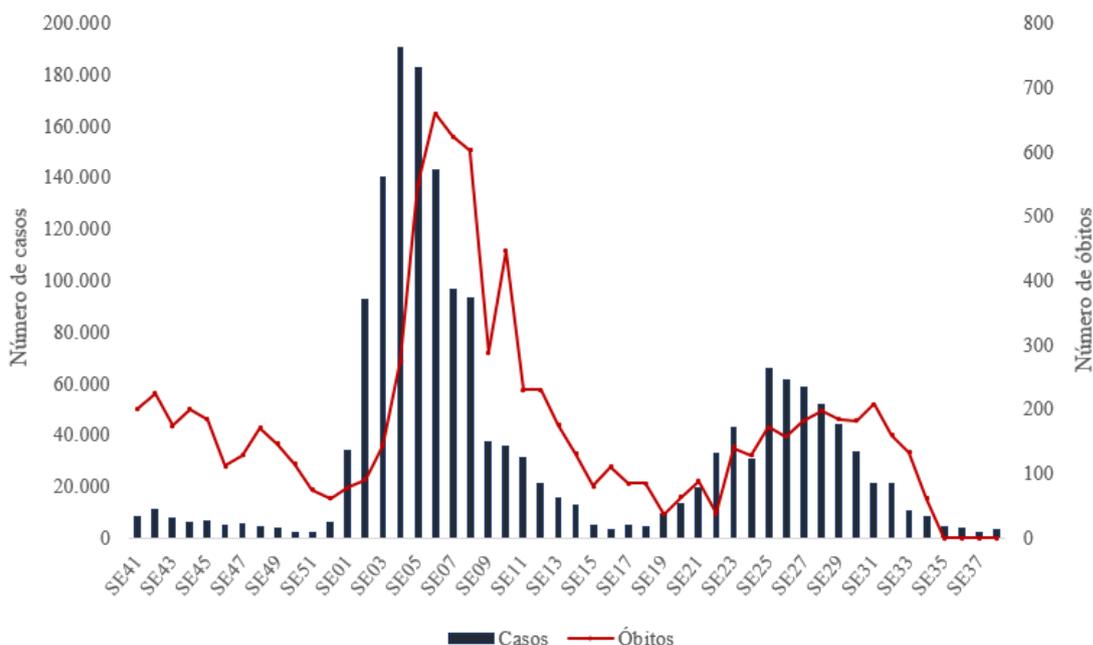


## Comunicado 017

14 de outubro 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.

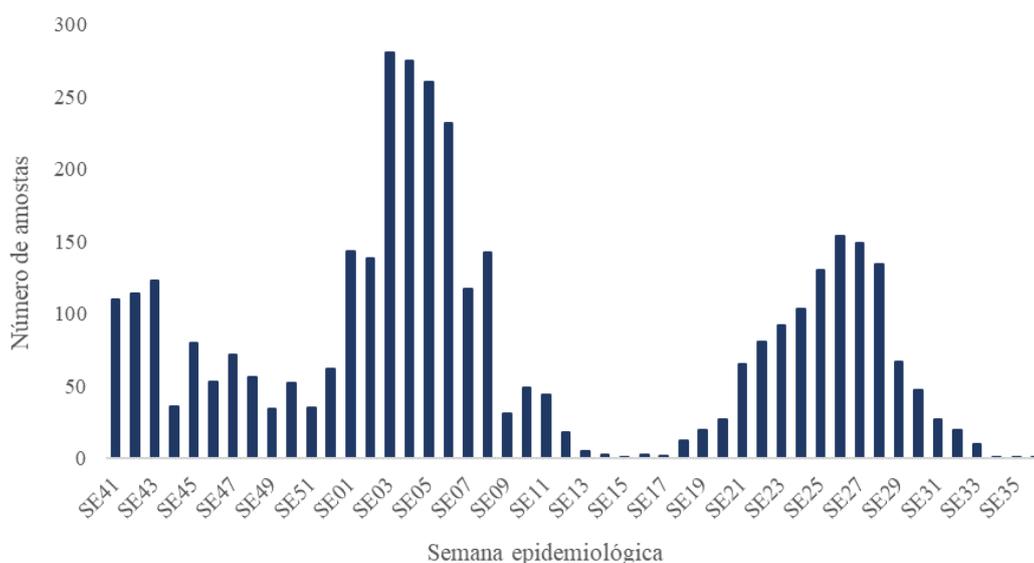
Neste comunicado relatamos a situação das variantes do SARS-CoV-2 a partir da análise de amostras colhidas em 15 Unidades Regionais de Saúde de Minas Gerais, no período compreendido entre 10/10/2021 e 10/09/2022 e processadas até a presente data. Os dados aqui apresentados incluem também informações já apresentadas comunicados 07 a 16. O cenário epidemiológico do estado de Minas Gerais neste período (**Figura 1**), apresentou um progressivo aumento no número de casos positivos de Covid-19 entre as semanas SE52 e SE04, passando de 5.840 para 190.449 casos novos confirmados, respectivamente. Posteriormente, foi observado um novo aumento do número de casos a partir da SE19 com um pico na SE25 (19/06/22 - 25/06/22). A curva de óbitos por Covid-19 seguiu o mesmo padrão observado para os casos novos, apesar de mais deslocada, como esperado, devido ao tempo de evolução clínica.



**Figura 1:** Distribuição do número de casos confirmados e óbitos por Covid-19 notificados à Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais, por semana epidemiológica.

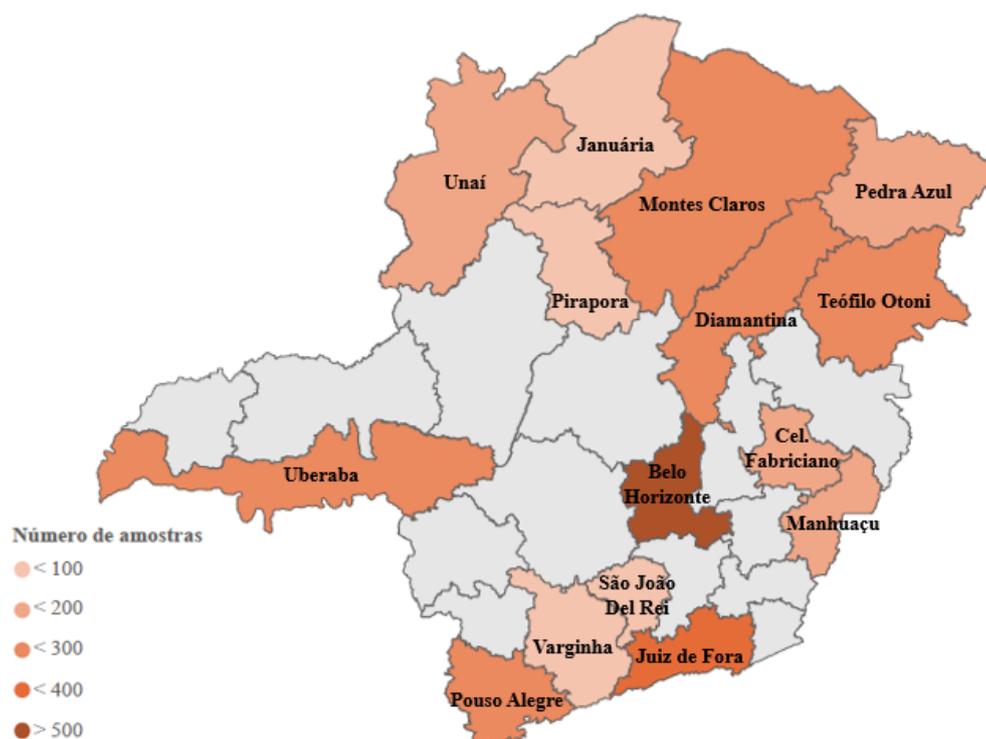
**Fonte:** Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais – Dados abertos Painel: informações encaminhadas pelos municípios para a SES-MG para a elaboração do Boletim Epidemiológico. Disponível em: <https://coronavirus.saude.mg.gov.br/dadosabertos>

O OViGenMG analisou 3.711 amostras no período. Observa-se que houve variação no número de amostras durante as semanas epidemiológicas (**Figura 2**). Contudo, o perfil da curva de amostras segue o padrão da curva de casos, com maior número de amostras enviadas para análise durante as semanas epidemiológicas com maior número de casos novos registrados.



**Figura 2:** Distribuição do número de amostras analisadas provenientes de 15 Unidades Regionais de Saúde de Minas Gerais, por semana epidemiológica.

A regional de saúde com maior número de amostras foi a de Belo Horizonte (37%). As regionais de saúde de Varginha, Januária, São João Del Rei e Pirapora tiveram menos de 100 amostras analisadas. Contudo, as mesmas foram adicionadas ao OviGenMG apenas em janeiro de 2022 (**Figura 3**).



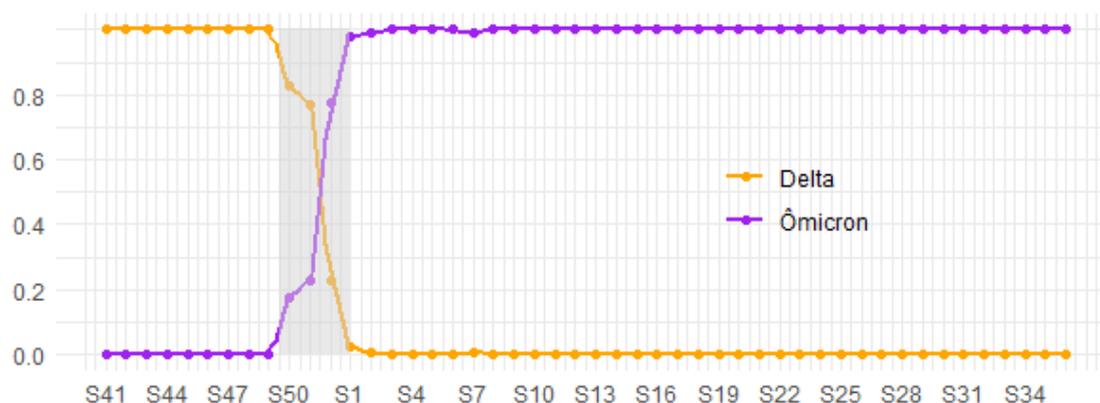
**Figura 3:** Número de amostras caracterizadas por Unidade Regional de Saúde no período entre 10/10/2021 e 10/09/2022.

A caracterização das variantes de SARS-CoV-2 foi feita por genotipagem da mutação del105-107, localizada no gene da proteína não estrutural 6 (*Nsp6*), e del69/70 e L452R, localizadas no gene que codifica a proteína Spike (*S*). Amostras contendo somente a mutação L452R foram classificadas como Delta enquanto a presença somente de del105-107 e/ou del69/70 indicaram a variante Ômicron (**Tabela 1**).

**Tabela 1:** Perfil genotípico das variantes Delta e Ômicron em relação aos genes *S* e *Nsp6*.

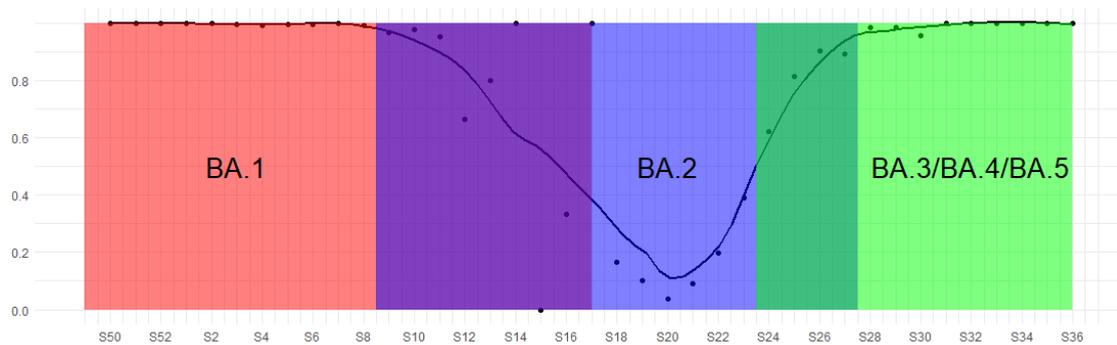
Variante	Gene <i>S</i>	Gene <i>Nsp6</i>
Delta	Mutação L452R	-
Ômicron Não BA.2	Mutação del69/70	Mutação del105-107
Ômicron BA.2	-	Mutação del105-107

Os dados sugerem a transição da variante Delta para a variante Ômicron entre as SE 51/2021 e 01/2022. As primeiras amostras da variante Ômicron foram identificadas na semana epidemiológica 50 de 2021 em municípios das regionais de saúde de Belo Horizonte, Juiz de Fora e Pouso Alegre e já semana epidemiológica 01 de 2022 (16/01/2022 - 22/01/2022) alcançou valores de 100% dos casos positivos de Covid-19 no estado de MG (**Figura 4**). Essa rápida transição, no intervalo de 4-5 semanas, evidencia a característica de maior transmissibilidade desta variante em comparação com as demais variantes SARS-CoV-2 identificadas em território nacional. O aumento crescente da variante Ômicron entre as semanas 50/2021 e 01/2022 coincidem com o a mudança do cenário epidemiológico retratado na **Figura 1**. No Apêndice A é possível verificar os dados encontrados por semana epidemiológica e por regional de saúde.



**Figura 4:** Frequência média das variantes Delta e Ômicron (e suas sub-variantes) ao longo do período de acompanhamento.

Em relação as subvariantes de Ômicron, observa-se durante o mês de janeiro a predominância da subvariante BA.1. Apesar da primeira amostra de BA.2 ter sido identificada a primeira vez em janeiro de 2022, em um município da regional de Coronel Fabriciano, apenas em abril (SE 14) atingiu 100% das amostras, sendo mais prevalente até a SE 25, quando outras subvariantes se tornaram prevalentes (**Figura 5**).



**Figura 5:** Frequência média da deleção 69/70 ao longo do período de circulação da variante Ômicron e suas subvariantes. Os períodos de transição entre a predominância de BA.1 para BA.2 e de BA.2 para BA.3/BA.4/BA.5 são indicados pela sobreposição das cores.

Do total de amostras caracterizadas como a variante Ômicron (2.839) através da genotipagem, aproximadamente 10% (213) foram também analisadas por sequenciamento de nova geração (NGS - do inglês Next Generation Sequencing) para confirmação e identificação das sublinhagens (**Tabela 2**). 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.

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

Variante	Número de amostras	Período de detecção	URS de detecção
<b>BA.1</b>	50	SE 51 – SE08	BH; CRF; JAN; JF; MAN; MOC; PAZ; PIR; POU; VAR
<b>BA.1.1</b>	36	SE 50 – SE17	BH; CFR; DIA; JAN; JF; MAN; MOC; PAZ; PIR; POU; SJDR; URA; UNAI; VAR
<b>BA.1.1.1</b>	2	SE 07 – SE10	BH; VAR
<b>BA.1.1.18</b>	1	SE08	JF
<b>BA.1.1.7</b>	1	SE07	MAN
<b>BA.1.14</b>	13	SE 52 – SE08	CRF; DIA; MAN; MOC; PAZ; POU; SJDR; UNAI
<b>BA.1.14.1</b>	12	SE 01 – SE08	BH; CRF; JAN; PAZ; PIR; POU; SJDR; UNAI
<b>BA.1.14.2</b>	1	SE10	MOC
<b>BA.1.15</b>	6	SE03 – SE10	DIA; JAN; MOC; SJDR
<b>BA.1.17</b>	2	SE04 – SE10	DIA; JF
<b>BA.1.17.2</b>	1	SE03	POU
<b>BA.1.9</b>	1	SE03	SJDR
<b>BA.2</b>	36	SE 06 – SE28	BH; CFR; DIA; JAN; JF; MAN; MOC; POU; URA; UNAI
<b>BA.2.12.1</b>	2	SE12 – SE29	BH
<b>BA.2.23</b>	2	SE20 – SE23	BH; UNAI
<b>BA.2.63</b>	<b>1</b>	<b>SE26</b>	<b>MOC</b>
<b>BA.2.9</b>	4	SE19 – SE21	JF; POU
<b>BA.4.1</b>	4	SE21 – SE29	JF
<b>BA.4.6</b>	1	SE28	DIA
<b>BA.5</b>	1	SE29	POU
<b>BA.5.1</b>	3	SE23 – SE30	DIA; MOC
<b>BA.5.2.1</b>	33	SE20 – SE30	BH; CFR; DIA; JAN; JF; MAN; MOC; POU; PIR; SJDR; UNAI
<b>BF.4</b>	<b>1</b>	<b>SE28</b>	<b>CFB</b>
<b>XAG</b>	1	SE19	BH
<b>Total</b>	<b>213</b>	-	-

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

Entre as amostras analisadas, o maior período de circulação foi observado para as variantes BA.1.1 e BA.2 ( $\geq 20$  semanas). Foram identificadas duas sub variantes de Ômicron ainda não descritas no **Brasil (variante BA.2.63)** e em **Minas Gerais (variante BF.4)** e uma amostra da variante recombinante XAG.

A variante **BA.2.63** foi descrita pela primeira vez em janeiro de 2022 e desde então foi notificada na Alemanha, Dinamarca, Grécia, no Reino Unido e Estados Unidos. A amostra identificada com esta sub variante foi coletada no mês de **junho** no município de **Montes Claros**.

A variante **BF.4** foi descrita pela primeira vez em abril de 2022 e desde então foi notificada na Alemanha, no Canadá, Reino Unido, Japão e Estados Unidos. No Brasil, foi identificada no Rio de Janeiro no mês de julho. A amostra identificada com esta sub variante foi coletada também no mês de **julho**, no município de **Coronel Fabriciano**.

A variante XAG é uma recombinação das variantes BA.1 e BA.2 primeira vez identificada em maio de 2022 e que já tem ampla circulação no Brasil já tendo sido identificada em todas as Regiões.

Esses resultados ressaltam a importância da análise de sequencias 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 é 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.

Ainda que a proposta do OviGen seja o acompanhamento em tempo real do surgimento das variantes de SARS-CoV-2, considerando as lacunas encontradas neste período de análise, principalmente entre as semanas epidemiológicas 09 a 20 e após a semana 29, recomenda-se a realização de estudo prospectivo complementar.

# APÊNDICE A:

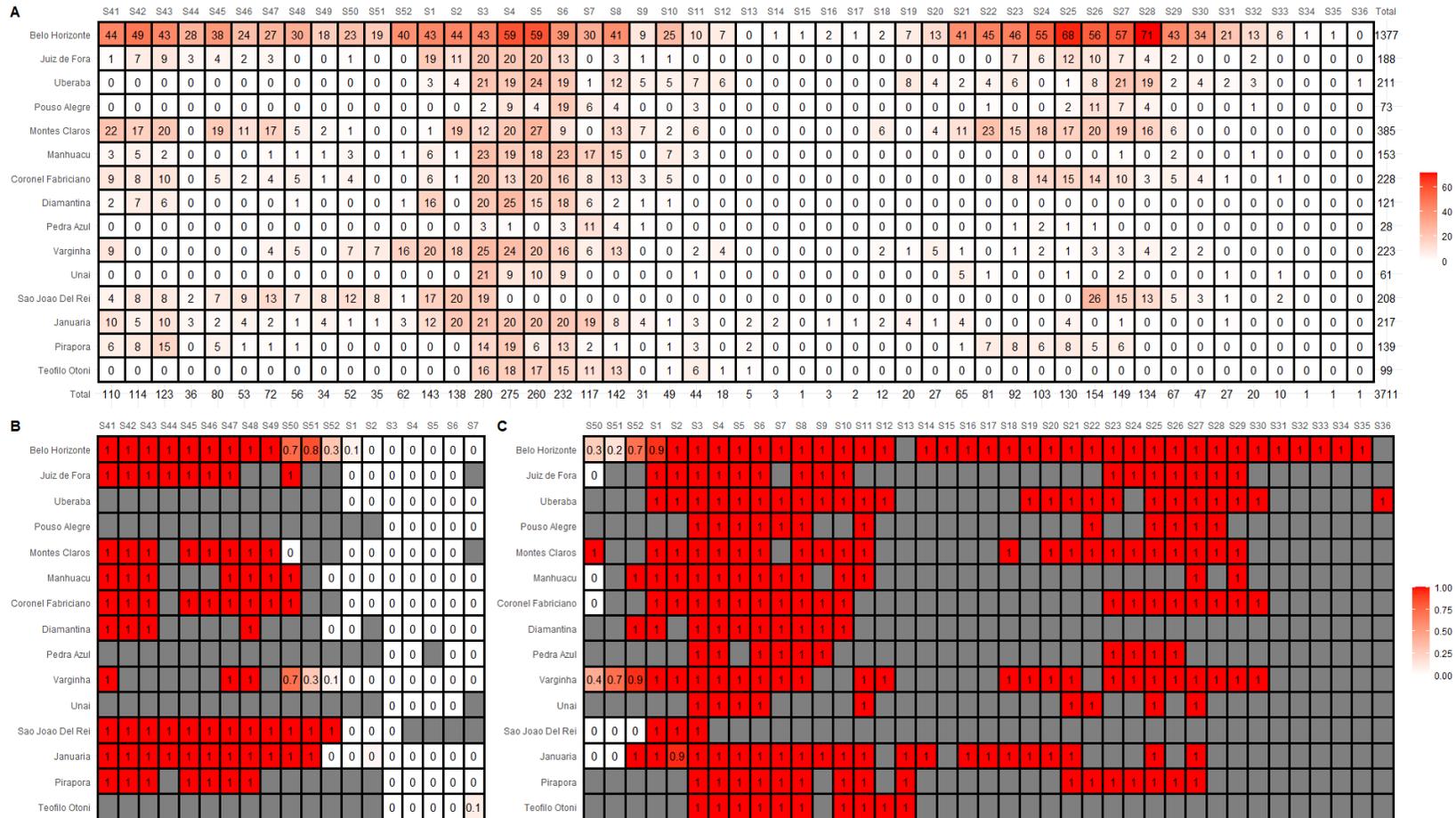


Figura A1: Resultados do OviGenMG por semana epidemiológica e por Unidade Regional de Saúde. A cor cinza indica ausência de amostra caracterizada naquela semana naquela localidade. (A) Número de amostras caracterizadas. (B) Proporção das amostras caracterizadas como variante Delta. (C) Propor

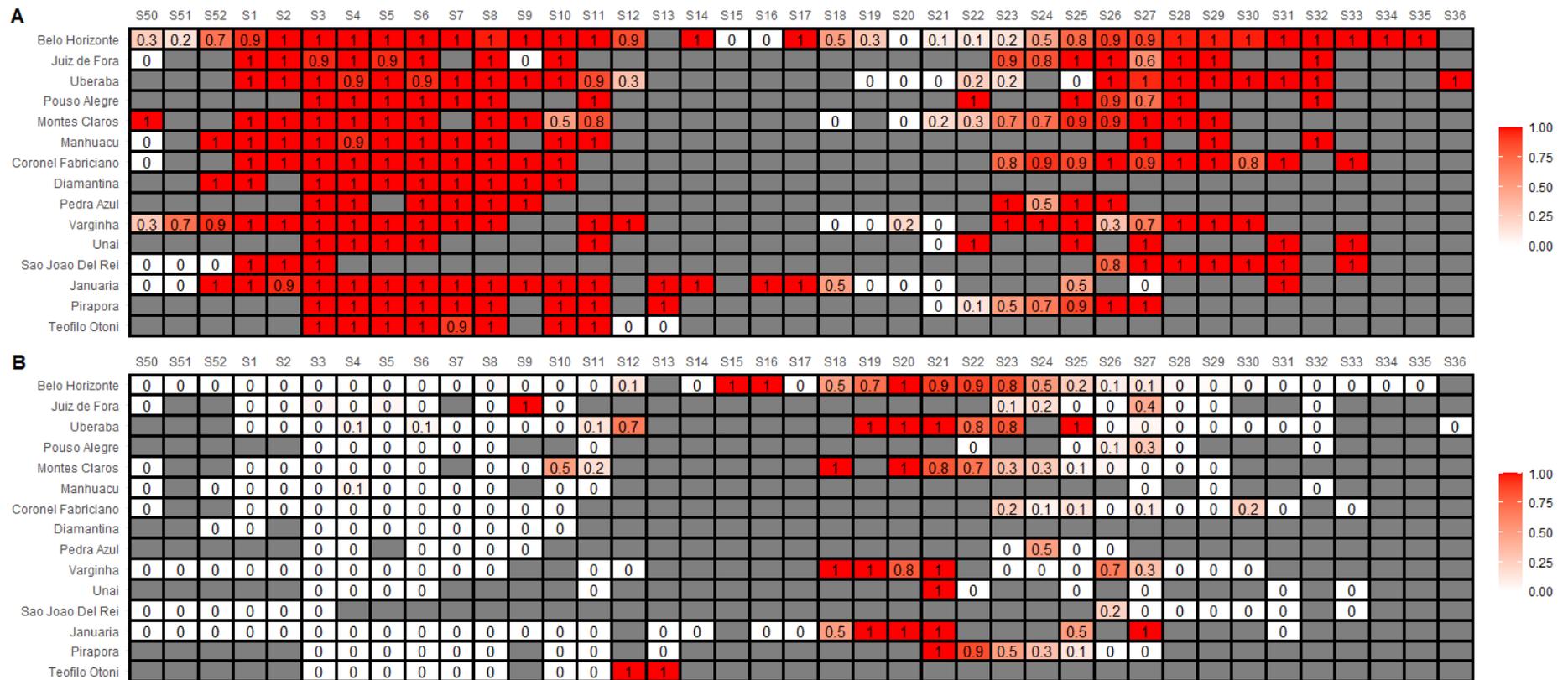


Figura A2: Resultados do OviGenMG por semana epidemiológica e por Unidade Regional de Saúde. A cor cinza indica ausência de amostra caracterizada naquela semana naquela localidade. (A) Proporção das amostras caracterizadas com a mutação deleção 69/70 indicativa da sub-variantes BA.1, BA.3, BA.4 e BA.5 (amostras não BA.2). (B) Proporção das amostras caracterizadas sem a mutação deleção 69/70 indicativa da sub-variante BA.2