

Comunicado 020

04 de Abril de 2023

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 14 Unidades Regionais de Saúde de Minas Gerais, no período compreendido entre 05/04/2022 e 31/02/2023 e processadas até a presente data.

Tabela 1 - Número de amostras caracterizadas por Unidade Regional de Saúde no período entre 05/04/2022 e 01/02/2023.

Regional de saúde	Semanas epidemiológicas																				Total	
	2022																2023					
	14	17	18	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	31	32	51	52	1	2	3		5
GRS - Belo Horizonte	0	0	0	0	8	6	6	4	2	4	6	7	0	1	0	0	1	0	0	0	0	45
GRS - Coronel Fabriciano	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	3
GRS - Juiz de Fora	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
GRS - Manhuaçu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2
GRS - Manhumirim	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
GRS - Pirapora	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
GRS - Pouso Alegre	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	3
GRS - Sao Joao Del Rei	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2
GRS - Uberaba	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	2
GRS - Unai	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
SRS - Diamantina	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2	3	0	9
SRS - Montes Claros	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2
SRS - Teófilo Otoni	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	2	0	0	5
SRS - Varginha	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	3	6	1	1	1	16
Total	1	1	1	1	9	7	6	6	5	5	6	8	1	5	2	8	2	6	10	4	1	95

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. A maioria das amostras (23) foi caracterizada como subvariante BA.5.2.1 (24,1%), 21 amostras como linhagem BQ.1.1 (22,1%), e 14 amostras como linhagem BA.2 (14,7%).além disso, 7 amostras (7,4%) apresentaram baixa cobertura e não puderam ser caracterizadas. Outras subvariantes foram identificadas em menor frequência, e as informações completas estão listadas na tabela 2.

Tabela 2 - Resultados obtidos a partir do sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 de 88 amostras coletadas nas semanas epidemiológicas listadas na tabela 1:

Linhagem	nº de Amostras	URS de Detecção
BA.1.1	1	UNAI
BA.2	14	POU; DIA; BH
BA.2.23	1	BH
BA.2.3	2	POU; BH
BA.2.48	1	BH
BA.2.9	1	BH
BA.4	3	DIA; BH
BA.4.1	1	BH
BA.5.1	6	BH; CFR; MAU; URA
BA.5.2	5	BH; UNAI; MOC
BA.5.2.1	23	BH; CFR; PIR; JF; MOC; SJDR; URA
BA.5.3.1	1	VAR
BA.5.3.1.9	1	BH
BE.10	2	VAR
BQ.1.1	21	VAR; MAN; TEN; DIA; POU
BQ.1.1.13	1	VAR
BQ.1.1.22	3	POU;
XBB.1	1	TEN
NS*	7	BH, DIA; VAR; SJDR
Total:	95	

Legenda: BH (Belo Horizonte); CFR (Coronel Fabriciano); DIA (Diamantina); JF (Juiz de Fora); MAN (Manhuaçu); MOC (Montes Claros); POU (Pouso Alegre); PIR (Pirapora); SJDR (São João Del Rei); URA (Uberaba); UNAI (Unai); VAR (varginha); (MAU) Manhumirim; (TEN) Teófilo Otoni.
 Não Sequenciada*

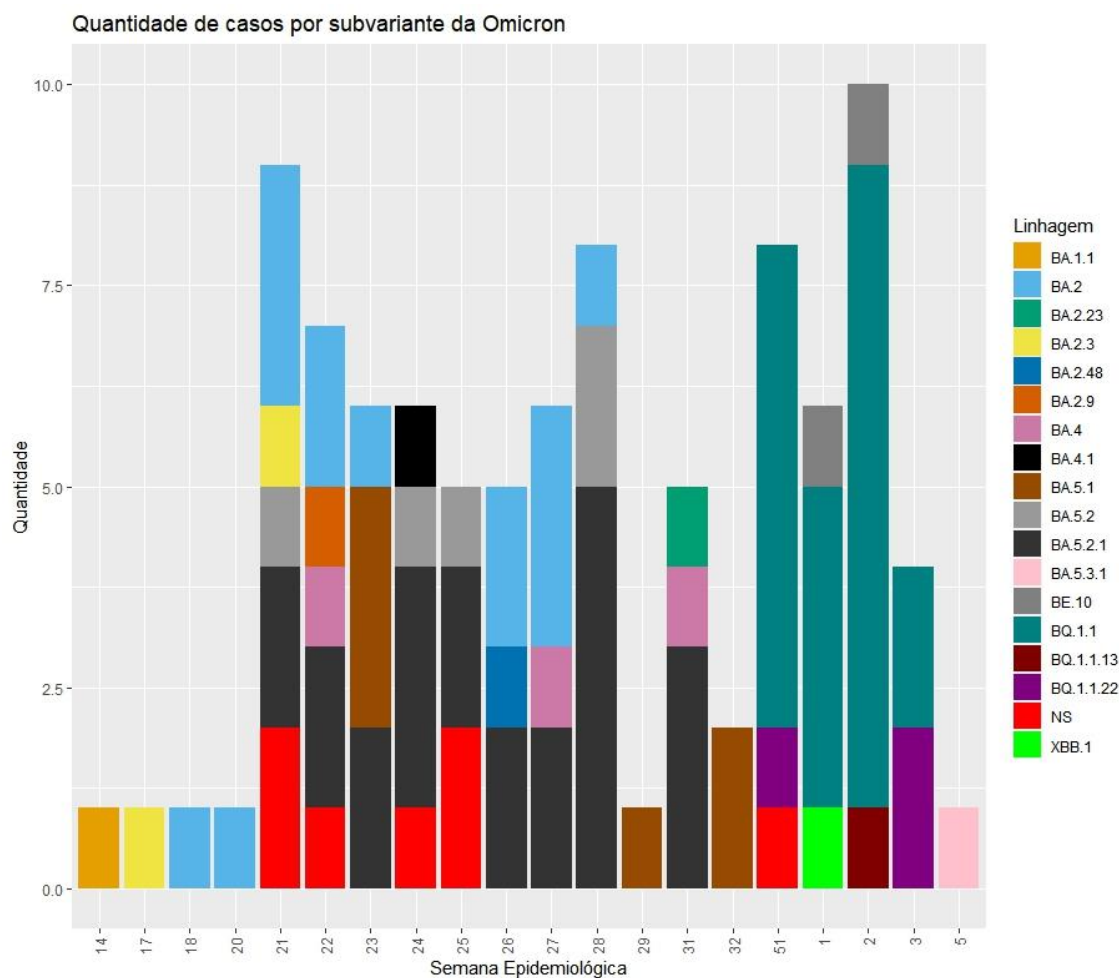


Figura 1 - Número de amostras caracterizadas por Semana Epidemiológica de acordo com a subvariante identificada. As semanas 1, 2, 3 e 5 correspondem ao ano de 2023.

Houve uma variabilidade maior de subvariantes da Omicron neste último sequenciamento, se comparado ao comunicado 019. A subvariante **BA.5.2.1** não foi observada no último comunicado, que abrangeu amostras entre as semanas 47-52 de 2022. Contudo, agora ela foi a mais frequente. Deve-se levar em consideração que a maior parte das amostras identificadas como BA.5.2.1 aparecem entre as semanas 21-27, não sendo estas reportadas no último comunicado.

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. Além disso, ressaltamos a importância de realizar o sequenciamento em amostras representativas do maior número de semanas possível, além de tentar trabalhar o mais próximo do tempo real de ocorrência destas 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.