

Comunicado 023

29 de novembro de 2023

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 **25** amostras coletadas em 7 cidades do estado de Minas Gerais entre os períodos de 09 de outubro de 2023 a 08 de novembro de 2023 (Tabela 1).

| Município | Semanas epidemiológicas de 2023 | | | | | TOTAL |
|---------------|---------------------------------|----|----|----|----|-------|
| | 41 | 42 | 43 | 44 | 45 | |
| Diamantina | 1 | 2 | 2 | 2 | 0 | 7 |
| Juiz de Fora | 0 | 2 | 6 | 0 | 0 | 8 |
| Pouso Alegre | 0 | 0 | 0 | 0 | 5 | 5 |
| São Lourenço | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 | 2 |
| Itanhandu | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 |
| Carbonita | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 |
| Lavras | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 |
| TOTAL: | 1 | 5 | 8 | 2 | 9 | 25 |

Tabela 1 - Número de amostras caracterizadas por município no período de 09/10/2023 a 08/11/2023.

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 com cobertura superior a 70% foi obtida em 17 amostras. Ressaltamos que o sequenciamento genômico foi realizado utilizando a nova versão dos primers Artic 5.3.2 mais abrangentes e capazes de identificar as subvariantes 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. Uma amostra foi notificada como EG.5.1.1, na cidade de Juiz de Fora na semana epidemiológica 43.

Todas foram classificadas como subvariantes da Variante Omicron, onde a maioria das amostras (11) foi caracterizada como JD.1.1, e 6 amostras como caracterizadas como GK.1.1. (Tabela 2 e gráfico 2).

Tabela 2 - Resultados obtidos a partir do sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 de 25 amostras coletadas nas semanas epidemiológicas 41 a 45 de 2023.

| Linhagens | Número de amostras |
|------------------|---------------------------|
| BA.5.2.1 | 1 |
| EG.5.1.1 | 1 |
| GK.1 | 2 |
| GK.1.1 | 6 |
| GK.1.4 | 1 |
| GK.1.8 | 1 |
| HK.6 | 1 |
| JD.1 | 1 |
| JD.1.1 | 11 |
| Total: | 25 |

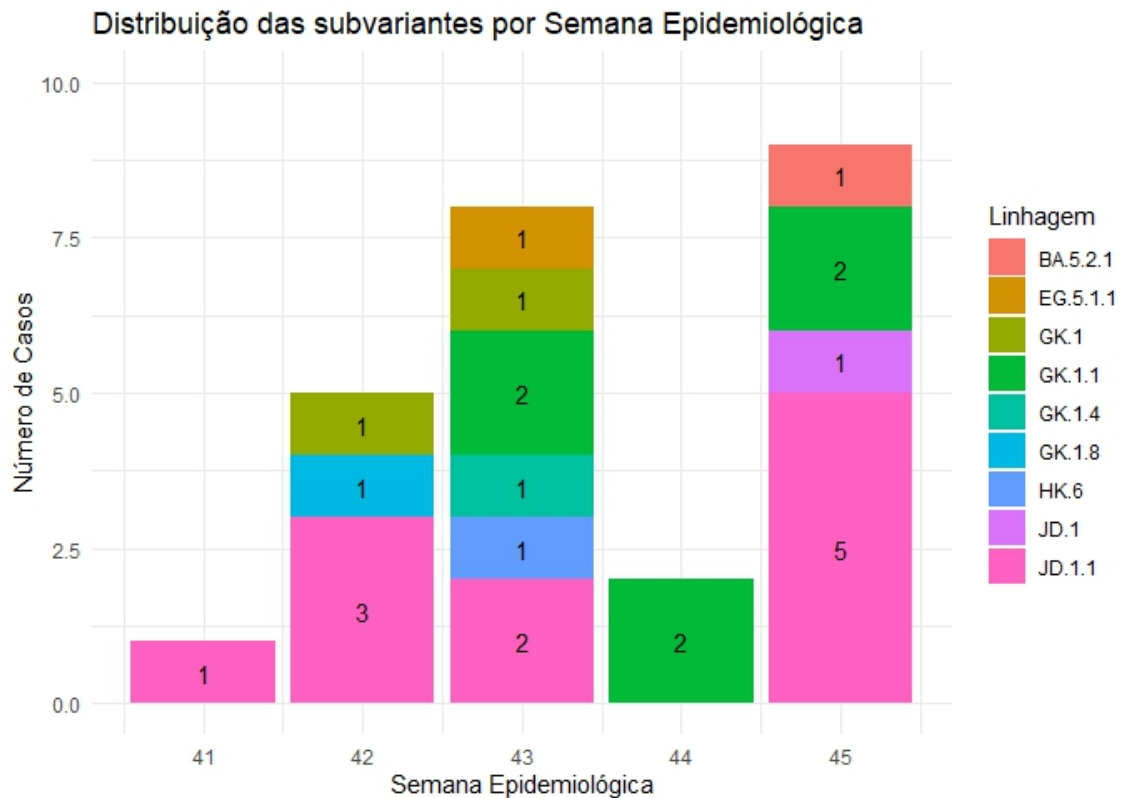


Figura 1 - Número de amostras caracterizadas por Semana Epidemiológica de acordo com a subvariante de SARS-CoV-2 identificada.

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.