

**Comunicado 024**

**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 **30** amostras coletadas em 9 cidades em 7 estados brasileiros entre os períodos de 16 de maio de 2022 a 25 de novembro de 2022 (Tabela 1).

Município	Estado	Semanas epidemiológicas de 2022				TOTAL:
		20	30	46	47	
Barcarena	Pará	1	0	0	0	1
Belém	Pará	7	0	0	0	7
Belo Horizonte	Minas Gerais	0	0	3	2	5
Campos dos Goytacazes	Rio de Janeiro	0	1	0	0	1
Goiânia	Goias	1	3	0	0	4
Montenegro	Rio Grande do Sul	2	0	0	0	2
Porto Alegre	Rio Grande do Sul	7	1	0	0	8
Porto Velho	Roraima	1	0	0	0	1
Rio Branco	Acre	1	0	0	0	1
<b>TOTAL:</b>	////////////////////	20	5	3	2	30

**Tabela 1** - Número de amostras caracterizadas por município no período de 16/05/2022 a 25/11/2022.

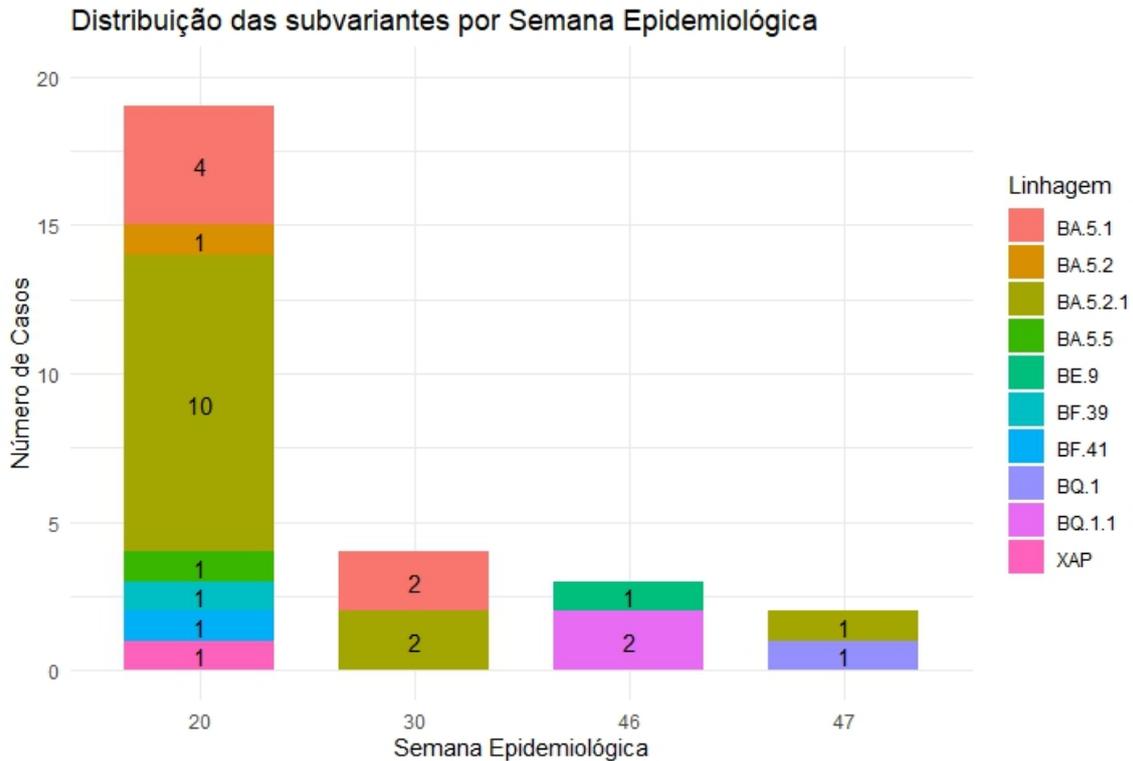
As amostras selecionadas foram utilizadas para síntese de biblioteca genômica e sequenciadas por sequenciamento de próxima geração (NGS - do inglês Next Generation Sequencing) utilizando a plataforma MiSeq (Illumina). Os genomas montados foram classificados segundo as suas linhagens através do Pangolin tool v.3.1.14 e NextClade web application v.1.7.0. No total, o genoma completo de SARS-CoV-2 foi obtido em **20 amostras com mais de 70% de cobertura** demonstrando a

qualidades das análises realizadas. **8 amostras** apresentaram cobertura inferior a 70% e **2 amostras não apresentaram alinhamento**.

Todas foram classificadas como subvariantes da Variante Omicron, onde a maioria das amostras (13) foi caracterizada como BA.5.2.1, e 6 amostras caracterizadas como BA.5.1. (Tabela 2 e gráfico 2).

**Tabela 2** - Resultados obtidos a partir do sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 de **30 amostras** coletadas nas semanas epidemiológicas 20, 30 e 46 e 47 de 2022. **2 amostras** não puderam ser alinhadas. No total, **28 amostras** tiveram o genoma montado e alinhado.

<b>Linhagem</b>	<b>Número de amostras</b>
BA.5.1	6
BA.5.2.1	13
BA.5.5	1
BA.5.2	1
BE.9	1
BF.39	1
BF.41	1
BQ.1	1
BQ.1.1	2
XAP	1
<b>TOTAL:</b>	<b>28</b>



**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.