

Comunicado 028

14 de Maio de 2024

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 amostras coletadas em 47 municípios em Minas Gerais, no período compreendido entre os dias 11 de fevereiro e 4 de abril de 2024 e processadas até a presente data.

Tabela 1 - Número de amostras caracterizadas por Município entre as semanas epidemiológicas 7 e 14 de 2024.

Município	S.7	S.8	S.9	S.10	S.11	S.12	S.14	Total por município
Belo Horizonte	16	19	13	12	0	0	0	60
Betim	1	0	1	2	0	0	0	4
Boa Esperança	0	0	1	1	0	0	0	2
Bom Sucesso	0	1	1	0	0	0	0	2
Brumadinho	1	1	1	0	0	0	0	3
Buritizeiro	0	0	4	1	0	0	0	5
Caratinga	0	1	0	0	0	0	0	1
Carmo da Mata	1	0	0	0	0	0	0	1
Catalao	0	0	1	0	0	0	0	1
Conceicao do Coite	0	0	0	1	0	0	0	1
Confins	0	1	1	0	0	0	0	2
Contagem	3	0	4	2	0	0	0	9
Coronel Fabriciano	3	2	5	4	0	0	0	14
Florestal	1	0	0	0	0	0	0	1
Gameleiras	0	0	1	0	0	0	0	1
Ibirite	2	2	0	0	0	0	0	4

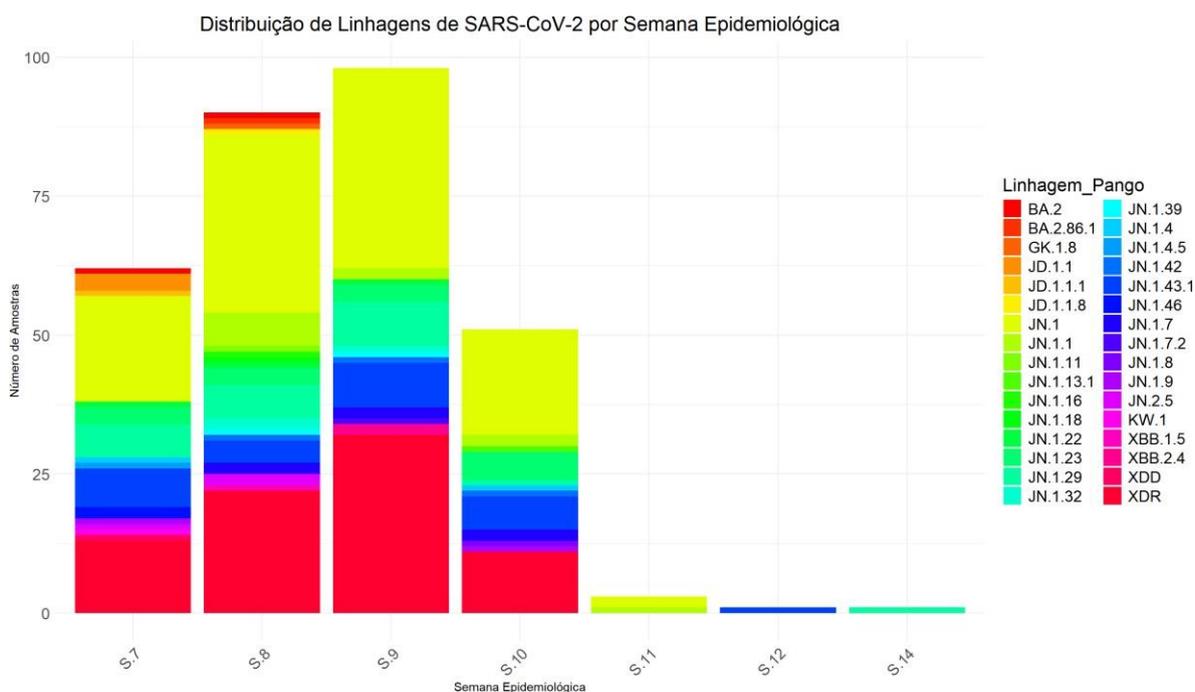
Itanhandu	0	0	0	0	1	0	1	2
Jaboticatubas	0	0	1	0	0	0	0	1
Janauba	0	0	1	0	0	0	0	1
Lagoa Santa	1	0	0	0	0	0	0	1
Lavras	0	2	0	1	0	1	0	4
Lavras	0	0	0	2	1	0	0	3
Manhuacu	4	3	4	2	0	0	0	13
Mateus Leme	0	1	0	0	0	0	0	1
Matozinhos	0	0	1	0	0	0	0	1
Montes Claros	10	31	53	14	0	0	0	108
Orizania	1	0	0	0	0	0	0	1
Ouro Preto	0	3	0	0	0	0	0	3
Paracatu	8	8	1	2	0	0	0	19
Pedra Bonita	0	0	0	0	1	0	0	1
Pedras de Maria da Cruz	0	0	2	0	0	0	0	2
Pocos de Caldas	0	1	0	0	0	0	0	1
Pouso Alegre	0	3	0	0	0	0	0	3
Ribeirao das Neves	3	2	0	2	0	0	0	7
Sacramento	1	1	0	0	0	0	0	2
Santa Barbara do Leste	0	1	0	0	0	0	0	1
Santa Luzia	1	5	0	1	0	0	0	7
Santa Rita do Sapucaí	0	0	0	1	0	0	0	1
São Gonçalo do Sapucaí	0	1	1	0	0	0	0	2
São Joaquim de Bicas	0	0	0	1	0	0	0	1
São José da Lapa	0	0	3	4	0	0	0	7
Timoteo	0	1	0	0	0	0	0	1
Uberaba	2	0	2	1	0	0	0	5
Unai	0	3	1	2	0	0	0	6
Vargem Alegre	0	0	0	1	0	0	0	1
Várzea da Palma	1	1	0	0	0	0	0	2
Vespasiano	2	0	0	0	0	0	0	2
Total por semana	62	94	103	57	3	1	1	321

As amostras que apresentaram resultado positivo no diagnóstico via PCR foram utilizadas para síntese de biblioteca genômica e sequenciadas por sequenciamento de próxima geração (NGS - do inglês Next Generation Sequencing) utilizando a plataforma NextSeq (Illumina). Os genomas montados foram classificados segundo as suas linhagens através do NextClade web application v.3.4.0. No total, das 321 amostras analisadas, o genoma completo de SARS-CoV-2 foi obtido em 306 amostras com uma cobertura média de mais de 98% do genoma, evidenciando a qualidade dos dados gerados. Ressaltamos que o sequenciamento genômico foi realizado utilizando a nova

versão dos primers Artic 5.3.2 mais abrangentes e capazes de identificar as mais recentes sub-variantes da Omicron.

Tabela 2 - Resultados obtidos a partir do sequenciamento do genoma completo de SARS-CoV-2 de 321 amostras coletadas nas semanas epidemiológicas 7 a 14 de 2024.

Linhagem Pango	Número de amostras	Linhagem Pango	Número de amostras
JN.1	108	JN.1.9	2
XDR	78	XBB.2.4	2
JN.1.43.1	26	BA.2.86.1	1
JN.1.29	22	GK.1.8	1
JN.1.23	14	JD.1.1.1	1
JN.1.1	11	JD.1.1.8	1
JN.1.7	6	JN.1.11	1
JD.1.1	3	JN.1.13.1	1
JN.1.22	3	JN.1.16	1
JN.1.32	3	JN.1.18	1
JN.1.42	3	JN.1.4.5	1
JN.2.5	3	JN.1.7.2	1
BA.2	2	JN.1.8	1
JN.1.39	2	KW.1	1
JN.1.4	2	XBB.1.5	1
JN.1.46	2	XDD	1



Todas as amostras foram classificadas como subvariantes da Variante Omicron, onde a maioria das amostras foram caracterizadas como JN.1 (n=108) ou XDR (n=78), sendo que a JN.1 é uma das principais variantes que circulam pelo mundo desde o fim de 2023 e a XDR é uma variante recombinante.

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.