



Projeto científico de vigilância
por sequenciamento amostral
do SARS-CoV-2 no Brasil

Relatório 5

Projeto científico de vigilância por sequenciamento amostral do SARS-CoV-2 no Brasil



DSD

Sumário

Introdução.....	3
Casuística	4
Métodos.....	6
Resultados	7
Evolução da variante Delta	14
Bibliografia.	18
APÊNDICE – Variantes por Estado.....	19



Introdução

Neste quinto relatório trazemos os dados do sequenciamento completo de 2.936 amostras colhidas na primeira quinzena de Outubro de 2021 (n=1.487) e na primeira quinzena de Novembro de 2021 (n=1.449), provindas de pacientes da Dasa com RT-PCR positivo para SARS-CoV-2.

O processo de substituição da VOC Gama pela Delta, iniciado em Agosto/21 e progredindo em Setembro/21, consolida-se nos meses de Outubro e Novembro/21, quando a VOC Delta e suas derivadas estão presentes em >99% das amostras e predominam em todas regiões do país. No entanto, estes meses correspondem ao momento de mais baixa incidência no Brasil e outros países da América do Sul, desde o início da pandemia. Esta trajetória da Delta é oposta ao que ocorreu após sua entrada na Europa e estados Unidos, onde a Delta provocou uma nova onda com expressivo aumento do número de casos, mesmo nos países com alta taxa de cobertura vacinal. As razões deste desacoplamento da pandemia entre o Brasil e outros países ainda carece de uma justificativa em bases experimentais. Em contraste, a VOC Ômicron tem apresentado por aqui o mesmo aumento explosivo no número de casos verificado na maioria dos países.

A análise dos dados no bimestre Outubro-Novembro, com um comportamento homogêneo da epidemiologia viral no Brasil, permite identificar o processo de diversificação e competição das linhagens derivadas de Delta, tanto por múltiplas introduções de novas linhagens quanto pelo surgimento de derivadas no Brasil caso das linhagens AY.43.1, AY.43.2 e provavelmente da predominante AY.99.2, com o declínio na frequência da linhagem ancestral B.1.617.2.

Boa leitura!

Dr. José Eduardo Levi – em nome da equipe do Genov
CRBio 23.407/01-D

Casuística

1. Número de amostras/ região

	01 a 15 de Maio de 2021	01 a 15 de junho de 2021	01 a 15 de julho de 2021	01 a 15 de agosto de 2021	01 a 15 de setembro de 2021	01 a 15 de outubro de 2021	01 a 15 de novembro de 2021	Total
Região Norte	21	30	29	4	3	10	6	103
Região Nordeste	49	198	35	187	162	188	210	1.029
Região Centro-Oeste	140	216	169	120	269	196	141	1.251
Região Sudeste*	117	212	161	224	269	275	413	1.671
Cidade São Paulo	36	254	177	201	244	285	415	1.602
Cidade Rio de Janeiro	190	124	157	229	295	274	128	1.377
Região Sul	76	263	228	275	142	279	146	1.409
Total	626	1.297	956	1240	1.384	1.487	1.449	8.442

* Exceto cidade de São Paulo e cidade do Rio de Janeiro.

2. Sexo

	01 a 15 de outubro de 2021		01 a 15 de novembro de 2021	
	Masculino	Feminino	Masculino	Feminino
Região Norte	50%	50%	66.7%	33.3%
Região Nordeste	46.3%	53.7%	49.1%	50.9%
Região Centro-Oeste	42.1%	57.9%	43.3%	56.7%
Região Sudeste*	48.7%	51.3%	44.1%	55.9%
Cidade São Paulo	45.3%	54.7%	42.2%	57.8%
Cidade Rio de Janeiro	44.1%	55.9%	46.1%	53.9%
Região Sul	43.1%	56.9%	46.6%	53.4%

* Exceto cidade de São Paulo e cidade do Rio de Janeiro.



3. Idade

	01 a 15 de outubro de 2021		01 a 15 de novembro de 2021	
	Mediana (anos)	Média (anos)	Mediana (anos)	Média(anos)
Região Norte	10 (19-74)	44.40	35.5 (20-72)	40
Região Nordeste	39 (8-104)	43.9	40 (0-98)	41.71
Região Centro-Oeste	39 (0-98)	40.5	41 (3-81)	41.57
Região Sudeste*	39 (1-85)	39.2	36 (2-84)	47.55
Cidade São Paulo	36 (1-97)	37.2	33 (0-82)	34.65
Cidade Rio de Janeiro	44 (1-94)	45.0	42 (1-84)	39.12
Cidade Sul	38 (4-91)	39.5	42.5 (0-92)	43.09

* Exceto cidade de São Paulo e cidade do Rio de Janeiro.

Tabela 1 – Principais variantes do SARS-CoV-2 e a nomenclatura conforme classificação PANGO (<https://cov-lineages.org/>) e nova classificação pela Organização Mundial da Saúde (OMS).

PANGO	OMS	Local da 1a identificação
VARIANTES DE ATENÇÃO (VOCs)		
B.1.1.7	Alfa	Reino Unido
B.1.351	Beta	África do Sul
P.1	Gama	Brasil (Amazonas)
B.617.2	Delta	Índia
B.1.1.529	Ômicron	África do Sul
VARIANTES DE INTERESSE (VOIs)		
C.37	Lambda	Peru
B.1.621	Mu	Colômbia

Disponível em: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
15 JANEIRO 2022.



Métodos

Questões Éticas

Apenas os genomas virais das amostras são sequenciados e associados somente a dados básicos dos pacientes como sexo, idade e local de coleta, mantendo-se o anonimato. Desta forma, o Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital 9 de Julho, afiliado à CONEP, aprovou o estudo e a dispensa do Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (CAAE: 45540421.0.0000.5455).

Seleção das amostras

Este relatório analisa 2.936 genomas completos de SARS-CoV-2, sendo 1.487 provenientes de amostras coletadas na primeira quinzena de Outubro/2021 e 1.449 da primeira quinzena de Novembro/2021 em diferentes regiões do país. Conforme o apêndice, 24 estados brasileiros tiveram pelo menos 1 amostra sequenciada, ausentes amostras do Amapá, Acre e Roraima. A escolha das amostras objetivou representar todas regiões do país, ao mesmo tempo refletindo a incidência do SARS-CoV-2 no período. Por questões técnicas, são selecionadas apenas amostras com RT-PCR positivo e valor de Ct < 30 (**Cycle Threshold**) correspondendo a cargas virais que permitem o sequenciamento do genoma completo com qualidade.

Processamento das amostras

As amostras são submetidas ao processo de extração de RNA no equipamento Chemagic, parte do sistema automatizado de pipetagem das amostras e extração (Janus, Perkin-Elmer) utilizando tecnologia de “beads” magnéticas com o kit Viral DNA/RNA 960 (Perkin Elmer), em grupos de 96 amostras. O RNA extraído é eluído em placas de 96 e submetido à síntese de cDNA e amplificação do genoma viral por PCR em fragmentos sobrepostos de aproximadamente 300 pares de bases, com 2 pools de primers já fornecidos no kit Illumina COVIDSeq Test (Illumina, CA, EUA).

Sequenciamento dos genomas virais

As sequências dos genomas virais são obtidas por Sequenciamento de Nova Geração (NGS), utilizando reagentes do kit Illumina COVIDSeq Test e equipamento NovaSeq 6000 (Illumina, CA, USA).

O processamento dos dados brutos é feito usando o pipeline COVID Lineage na plataforma de análise Dragen. Após controle de qualidade, são feitas: montagem de sequência consenso, mapeamento e identificação de sítios variantes com relação a cepa referência (NC_045512.2).

Classificação de variantes

A classificação das linhagens seguiu o sistema dinâmico de classificação proposto por Rambaut e colaboradores (2020), através do software **Phylogenetic Assignment of Named Global**



Outbreak LINages, disponível em <https://github.com/cov-lineages/pangolin> e também pelo NextClade. A classificação definitiva das linhagens foi feita após confirmação por análise filogenética contendo sequencias representativas das principais linhagens circulantes. No sistema PANGO AY é um sinônimo de Delta, e está sendo usado para classificação de sublinhagens de Delta (ex. AY.4).

Resultados

Tabela 3 - Linhagens detectadas por região

	01 a 15 de outubro de 2021		01 a 15 de novembro de 2021	
Região Norte	AY.43	10% (1/10)	AY.101	16.7% (1/6)
	AY.122	20% (2/10)	AY.9.2	33.3% (2/6)
	AY. 46	10% (1/10)	AY.99.2	33.3% (2/6)
	99.2	30% (3/10)	P.1.4	16.7% (1/6)
	B.1.617.2	10% (1/10)		
	P.1.7	20% (2/10)		

Região Nordeste	AY.100	2.2% (4/188)	A	0.5% (1/210)
	AY.101	5.9% (11/188)	AY.100	0.5% (1/210)
	AY.20	0.5% (1/188)	AY.101	6.2% (13/210)
	AY.34	3.2% (6/188)	AY.122	0.5% (1/210)
	AY.34.1	2.2% (4/188)	AY.124	0.5% (1/210)
	AY.36	1.0% (2/188)	AY.125	0.5% (1/210)
	AY.39	0.5% (1/188)	AY.20	1.4% (3/210)
	AY.4	0.5% (1/188)	AY.34	1.4% (3/210)
	AY.43	3.8% (7/188)	AY.34.1	3.8% (8/210)
	AY.46.3	0.5% (1/188)	AY.34.1.1	0.5% (1/210)
	AY.6.	0.5% (1/188)	AY.36	1.4% (3/210)
	AY.99.2	58.0% (109/188)	AY.43	3.8% (8/210)
	B	0.5% (1/188)	AY.43.1	1.0% (2/210)
	B.1.617.2	18.7% (35/188)	AY.43.2	0.5% (1/210)
	P.1	1.0% (2/188)	AY.46.3	1.4% (3/210)
	P.1.7	1.0% (2/188)	AY.47	1.4% (3/210)
			AY.99.1	2.4% (5/210)
			AY.99.2	1.0% (2/210)
			B.1.617.2	70.5% (148/210)
			None	0.5% (1/210)
			P.1.7	0.5% (1/210)

Região Centro-Oeste	AY.101	3.1% (6/196)	AY.101	1.5% (2/141)
	AY.116.1	0.5% (1/196)	AY.116	1.5% (2/141)
	AY.21.	0.5% (1/196)	AY.118	0.7% (1/141)
	AY.4	0.5% (1/196)	AY.119	0.7% (1/141)
	AY.42	1.0% (2/196)	AY.26	1.5% (2/141)
	AY.43	1.0% (2/196)	AY.34.1	0.7% (1/141)
	AY.43.1	0.5% (1/196)	AY.42	0.7% (1/141)
	AY.46	0.5% (1/196)	AY.43	3.5% (5/141)
	AY.46.3	1.5% (3/196)	AY.43.1	1.5% (2/141)
	AY.99.1	1.0% (2/196)	AY.43.2	1.5% (2/141)
	AY.99.2	82.2% (161/196)	AY.46.3	1.5% (2/141)
	B.1.617.2	6.7% (13/196)	AY.6	0.7% (1/141)
	P.1.7	1.0% (2/196)	AY.99.1	2.8% (4/141)
			AY.99.2	80.9% (114/141)
			P.1.4	0.7% (1/141)



Região Sudeste*	AY.100	0.4% (1/275)	AY.100	0.5% (2/413)
	AY.101	0.7% (2/275)	AY.101	3.0% (12/413)
	AY.116	1.1% (3/275)	AY.103	0.2% (1/413)
	AY.34	7.2% (20/275)	AY.116	1.5% (6/413)
	AY.34.1	0.4% (1/275)	AY.122	0.5% (2/413)
	AY.36	1.5% (4/275)	AY.3	0.2% (1/413)
	AY.39	1.1% (3/275)	AY.34	4.2% (17/413)
	AY.43	15.6% (42/275)	AY.34.1	2.5% (10/413)
	AY.43.1	0.4% (1/275)	AY.34.1.1	3.4% (14/413)
	AY.43.2	0.7% (2/275)	AY.36	1.7% (7/413)
	AY.44	0.4% (1/275)	AY.4	0.2% (1/413)
	AY.46.3	3.5% (10/275)	AY.4.2	0.5% (2/413)
	AY.46.6	0.4% (1/275)	AY.43	12.6% (52/413)
	AY.6	0.7% (2/275)	AY.43.1	4.4% (18/413)
	AY.99	0.4% (1/275)	AY.43.2	3.6% (15/413)
	AY.99.1	3.9% (11/275)	AY.44	0.2% (1/413)
	AY.99.2	41.7% (115/275)	AY.46.3	3.6% (15/413)
	B.1.617.2	19.9% (55/275)	AY.47	0.7% (3/413)
			AY.5	0.2% (1/413)
			AY.51	0.2% (1/413)
			AY.88	0.2% (1/413)
			AY.99	0.2% (1/413)
			AY.99.1	2.9% (12/413)
			AY.99.2	52.1% (215/413)
				0.2% (1/413)
			B.1.617.2	0.5% (2/413)

Cidade de São Paulo	AY.101	1.1% (3/285)	A	0.2% (1/405)
	AY.26	1.1% (3/285)	AY.101	3.2% (13/405)
	AY.33	0.3% (1/285)	AY.116	0.2% (1/405)
	AY.34	11.9% (34/285)	AY.122	0.5% (2/405)
	AY.34.1	1.5% (4/285)	AY.126	0.2% (1/405)
	AY.36	3.5% (10/285)	AY.25	0.7% (3/405)
	AY.39	2.5% (6/285)	AY.26	0.2% (1/405)
	AY.39.1	0.3% (1/285)	AY.34	1.0% (4/405)
	AY.43	26.2% (75/285)	AY.34.1	5.7% (23/405)
	AY.43.1	1.5% (4/285)	AY.34.1.1	10.1% (41/405)
	AY.43.2	0.7% (2/285)	AY.36	1.7% (7/405)
	AY.44	0.3% (1/285)	AY.43	14.8% (60/405)
	AY.46	1.1% (3/285)	AY.43.1	18.0% (73/405)
	AY.46.3	7.7% (22/285)	AY.43.2	10.1% (41/405)
	AY.46.6	0.7% (2/285)	AY.44	0.2% (1/405)
	AY.5	0.7% (2/285)	AY.46.3	6.9% (28/405)
	AY.5.2	0.3% (1/285)	AY.5	0.5% (2/405)
	AY.99.2	7.3% (21/285)	AY.54	0.2% (1/405)
	B.1.617.2	31.0% (89/285)	AY.6	0.2% (1/405)
	P.1.11	0.3% (1/285)	AY.99.1	1.7% (7/405)
			AY.99.2	22.0% (89/405)
			B.1.617.1	0.2% (1/405)
			B.1.617.2	0.2% (1/405)
			None	0.7% (3/405)

Cidade Rio de Janeiro	AY.101	0.8% (2/254)	AY.101	3.1% (4/128)
	AY.102	0.4% (1/254)	AY.122	0.8% (1/128)
	AY.26	0.8% (2/254)	AY.25	0.8% (1/128)
	AY.3	0.4% (1/254)	AY.34.1	3.1% (4/128)
	AY.34	0.4% (1/254)	AY.34.1.1	1.6% (2/128)
	AY.39	0.4% (1/254)	AY.4 AY.43	1.6% (2/128)
	AY.43	1.6% (4/254)	AY.43.1	2.3% (3/128)
	AY.43.1	0.4% (1/254)	AY.43.2	7.8% (10/128)
	AY.43.2	1.2% (3/254)	AY.99.1	3.1% (4/128)
	AY.46.3	1.6% (4/254)	AY.99.2	2.3% (3/128)
	AY.99.1	3.5% (9/254)	B.1.617.2	70.3% (90/128)
	AY.99.2	85.7% (218/254)	P.1	1.6% (2/128)
	B1.617.2	2.4% (6/254)		1.6% (2/128)
	P.1.8	0.4% (1/254)		

Região Sul	AY.101	29.5% (83/279)	AY.101	43.8% (64/146)
	AY.116	2.5% (7/279)	AY.106	0.7% (1/146)
	AY.12	0.4% (1/279)	AY.116	5.5% (8/146)
	AY.122	0.4% (1/279)	AY.121	0.7% (1/146)
	AY.34	0.8% (2/279)	AY.122	4.1% (6/146)
	AY.39	1.1% (3/279)	AY.43	1.4% (2/146)
	AY.41	1.4% (4/279)	AY.43.1	0.7% (1/146)
	AY.43	3.6% (10/279)	AY.43.2	2.1% (3/146)
	AY.43.1	0.8% (2/279)	AY.46	0.7% (1/146)
	AY.43.2	0.4% (1/279)	AY.54	0.7% (1/146)
	AY.44	1.4% (6/279)	AY.99.1	0.7% (1/146)
	AY.46	1.4% (4/279)	AY.99.2	38.4% (56/146)
	AY.46.3	2.5% (7/279)	B.1.617.2	0.7% (1/146)
	AY.99.1	0.4% (1/279)		
	AY.99.2	11.7% (32/279)		
	B.1.617.2	40.6% (113/279)		
	P.1	0.4% (1/279)		
	P.1.2	0.4% (1/279)		

* Exceto cidade de São Paulo e cidade do Rio de Janeiro.

Evolução da variante Delta

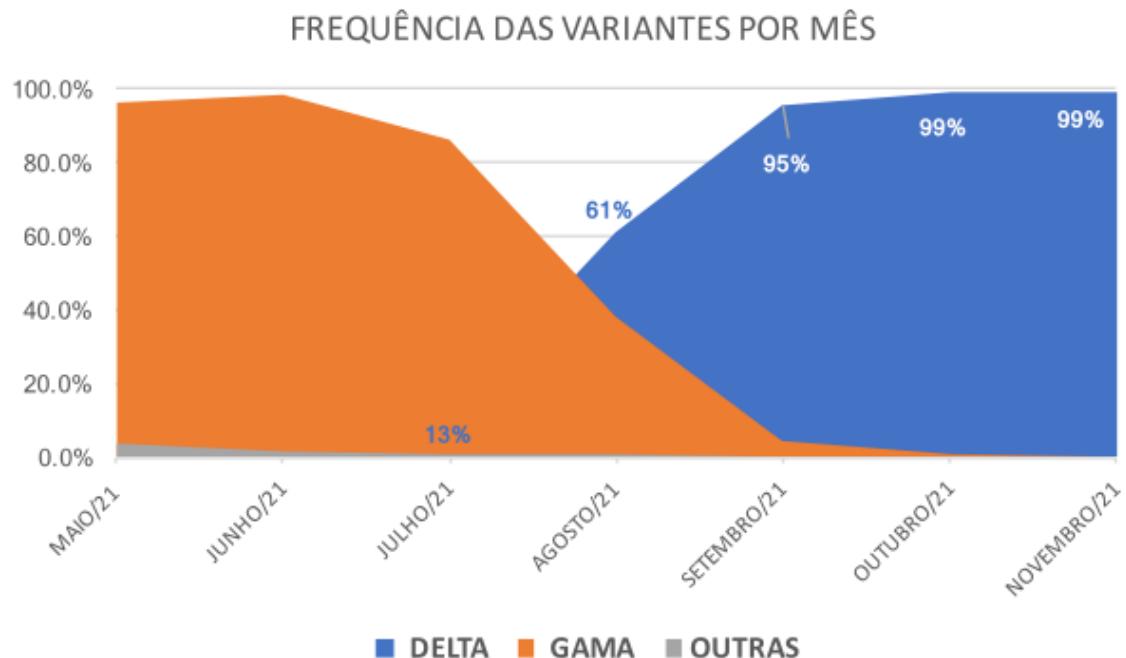


Figura 1. Frequência das variantes Gama, Delta e Outras nas amostras do GENOV em Maio/21 ($n= 629$), Junho/21 ($n= 1.297$), Julho/21 ($n= 956$), Agosto/21 ($n= 1.240$), Setembro/2021 ($n=1.384$), Outubro ($n=1.487$) e Novembro ($n=1.449$).

Na região Sudeste, excluindo a cidade de São Paulo e Rio de Janeiro, todas amostras analisadas foram classificadas como Delta. Apenas uma amostra na cidade de São Paulo e outra amostra na cidade do Rio de Janeiro não eram Delta. A região Norte apresentou a menor frequência de Delta dentre as amostras analisadas (80%), seguida pela região Nordeste (97%), região Centro-Oeste (99%), região Sul (99.3%) cidades de São Paulo e Rio de Janeiro (99.6%) e região Sudeste (100%).

A figura 2 mostra as variações nas frequências das sublinhagens de Delta nas 5 regiões do país nas cidades de São Paulo e Rio de Janeiro. Nota-se nos 7 gráficos a substituição progressiva da linhagem ancestral B.1.617.2 por sublinhagens AY, sendo que em Novembro predominam AY.43.1, AY.43.2 e AY.99.2 em todo país.

Lima e colaboradores [Lima 2021] apresentam evidências que as sublinhagens AY.43.1 e AY.43.2 são de origem brasileira, provavelmente paulistanas e tem uma frequência significativa em nossos dados, assim como a sublinhagem AY.99.2, a mais frequente entre todas as sublinhagens de Delta no Genov.

Embora presente em 31 países, 21.941 das 22.543 sequencias AY.99.2 depositadas no GISAID são brasileiras [Latif 2022], sugerindo que também esta sublinhagem tenha se originado aqui. A análise filogenética, ilustrada na figura 3 mostra que de maneira geral não há agrupamento temporal entre as sequencias. De fato, o SARS-COV-2 não tem essa característica temporal, sobretudo em intervalos temporais tão pequenos. O agrupamento regional observado em alguns pontos parece ser reflexo das sublinhagens predominantes

nesses locais - AY.43 e suas derivadas em SP por exemplo; AY.101 que predomina no Paraná. Alguns clusters por regiões, entretanto, são observados, como dentro da AY.99.2 os agrupamentos de vírus de SP e RJ, logo imediatamente à emergência do cluster, e mais acima, um agrupamento predominante de vírus do DF (em azul clarinho).

É desafiador procurar entender quais são as características destas sublinhagens que as tornaram mais transmissíveis em relação à B.1.617.2. Na tabela 2 observa-se o perfil mutacional de algumas sublinhagens de Delta ressaltadas neste relatório. Uma análise superficial deste perfil mostra que a principal diferença são várias mutações incidindo na ORF1a, que codifica as proteínas não-estruturais nsp1–nsp10, e que são ausentes da linhagem ancestral.

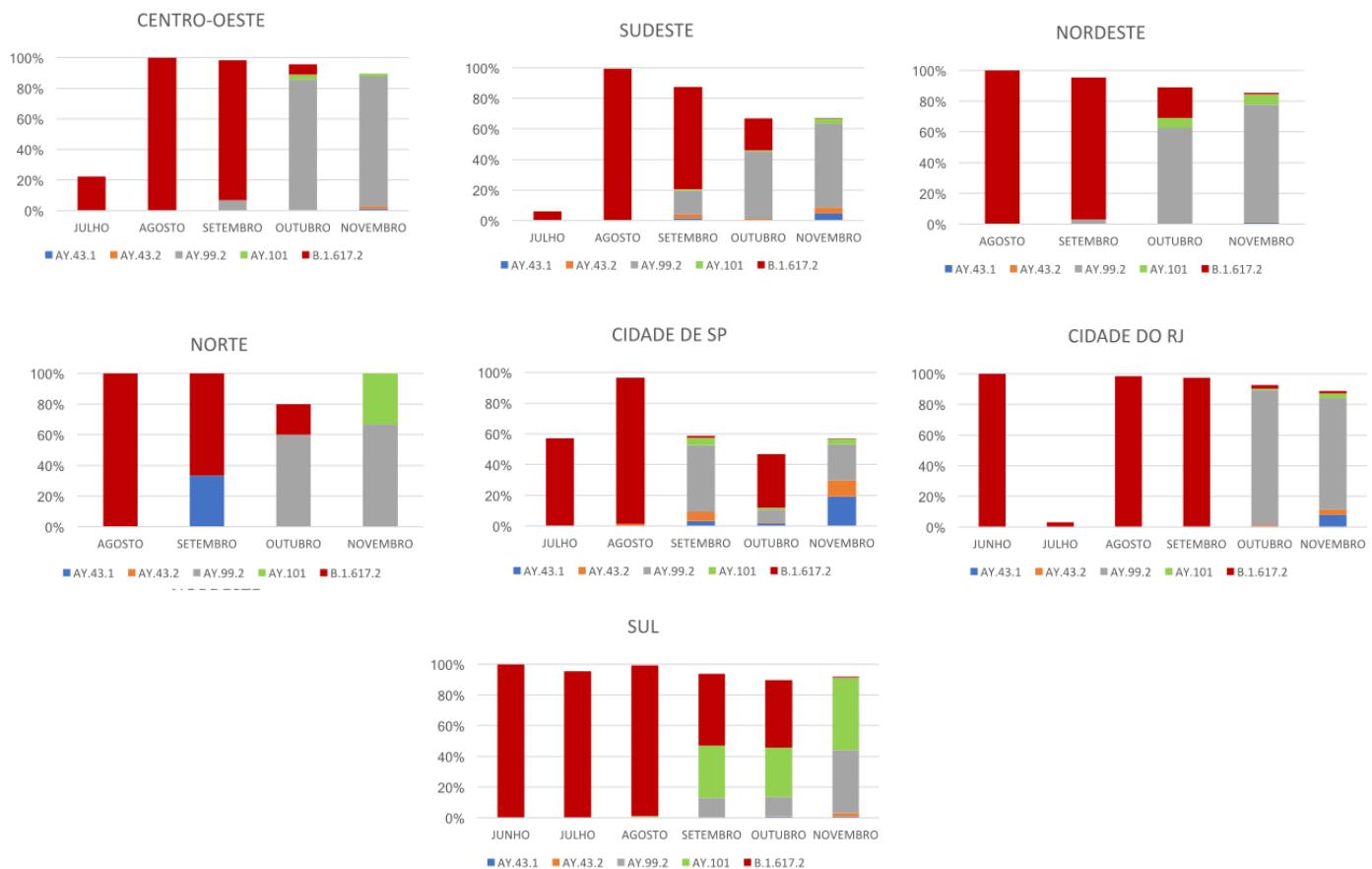


Figura 2. Frequência de sublinhagens de Delta nas 5 regiões brasileiras e nas cidades do Rio de Janeiro e São Paulo nas amostras do GENOV entre junho e novembro/2021. Região Norte ($n=12$), Nordeste ($n=556$), Sudeste ($n=1.072$), Centro-Oeste ($n=612$), Sul ($n=724$), Cidade de

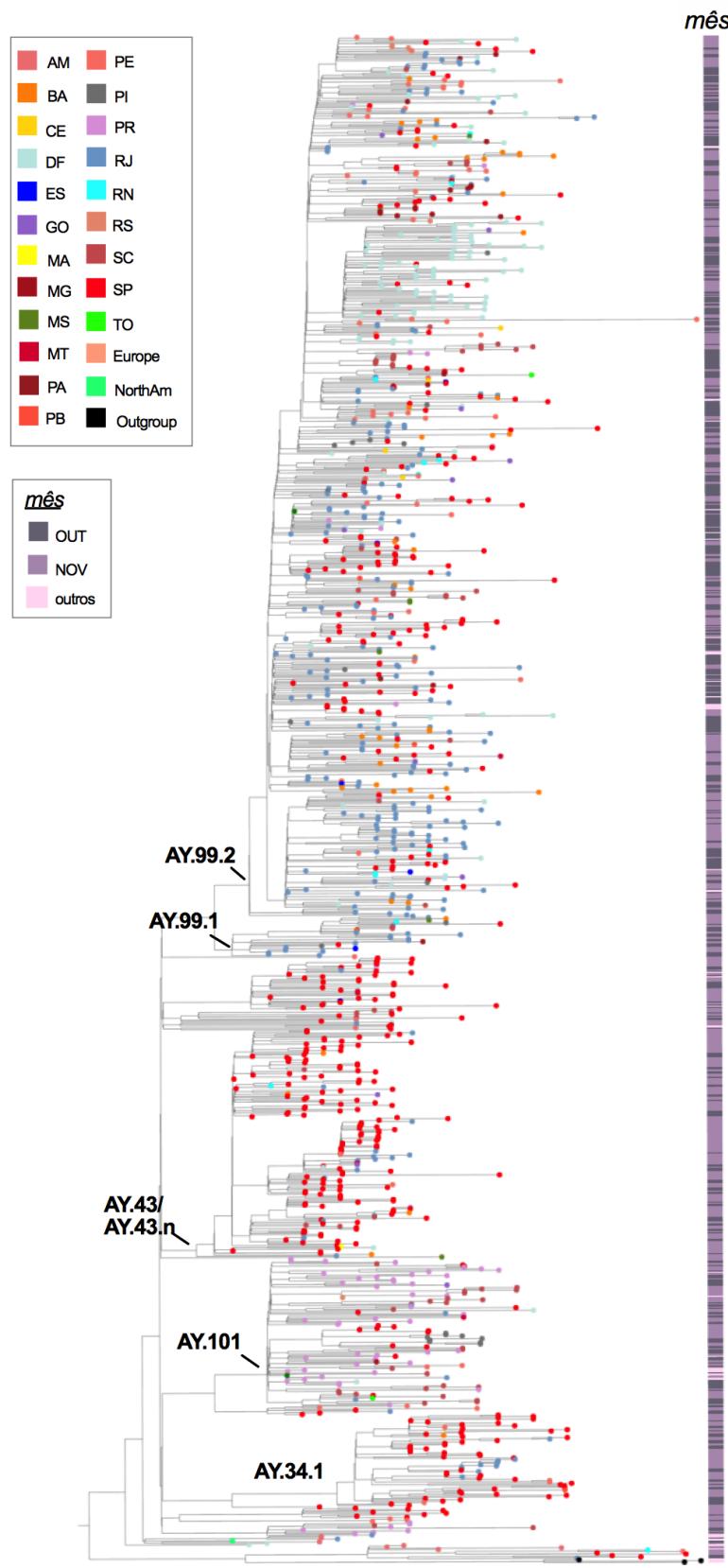


Figura 3. Reconstrução filogenética das amostras GENOV da linhagem delta coletadas em outubro e novembro. As amostras ($n=1138$) foram aleatoriamente selecionadas de forma a representar todas as regiões amostradas no período. Amostras de referência como grupo externo (B.1) e da Europa e América do Norte foram adicionadas para contextualização. Os meses, bem como os locais de amostragem estão nas legendas ao lado da árvore. Os nós que dão origem as principais sublinhagens encontradas estão descritos (ver detalhes nas tabelas).

Figura 3. Árvore filogenética das amostras de SARS-CoV-2, linhagem Gama, analisadas em Agosto/2021 e Setembro/2021 pelo GENOV e amostras de referência (Brasil e outros países). Todas as amostras foram coloridas de acordo com o local de amostragem (legenda à esquerda). Atenção às cores dos círculos externos à árvore, onde o primeiro corresponde às linhagens e o mais externo corresponde aos meses de amostragem (legendas a direita). Os nós dos ramos que originam as linhagens P.1.7, P.1.8 e P.1.9 estão ainda ressaltados na própria árvore. A árvore foi enraizada com amostras da linhagem B.1.128.

ADAPTADO DE https://outbreak.info/	Mutações características de B.1.617.2 gene amino acid	Mutações características de AY.99.2 gene amino acid	Mutações características de AY.43.1 gene amino acid	Mutações características de AY.43.2 gene amino acid	Mutações características de AY.101 gene amino acid
		ORF1a I1091V		ORF1a G1155C	
		ORF1a A1306S	ORF1a A1306S	ORF1a A1306S	ORF1a A1306S
		ORF1a P2046L	ORF1a P2046L	ORF1a P2046L	ORF1a P2046L
		ORF1a P2287S	ORF1a P2287S	ORF1a P2287S	ORF1a P2287S
		ORF1a V2930L	ORF1a V2930L	ORF1a V2930L	ORF1a V2930L
		ORF1a T3255I	ORF1a T3255I	ORF1a T3255I	ORF1a T3255I
		ORF1a T3646A	ORF1a T3646A	ORF1a T3646A	ORF1a T3646A
		ORF1a T4087I			
		ORF1b P314L	ORF1b P314L	ORF1b P314L	ORF1b P314L
		ORF1b G662S	ORF1b G662S	ORF1b G662S	ORF1b G662S
		ORF1b P1000L	ORF1b P1000L	ORF1b P1000L	ORF1b P1000L
		ORF1b A1918V	ORF1b A1918V	ORF1b A1918V	ORF1b A1918V
	S T19R	S T19R	S T19R	S T19R	S T19R
	S E156G	S E156G	S E156G	S E156G	S E156G
	S del157/158	S del157/158	S del157/158	S del157/158	S del157/158
	S L452R	S L452R	S L452R	S L452R	S L452R
	S T478K	S T478K	S T478K	S T478K	S T478K
	S D614G	S D614G	S D614G	S D614G	S D614G
	S P681R	S P681R	S P681R	S P681R	S P681R
	S D950N	S D950N	S D950N	S D950N	S D950N
	ORF3a S26L	ORF3a S26L	ORF3a S26L	ORF3a S26L	ORF3a S26L
	M I82T	M I82T	M I82T	M I82T	M I82T
	ORF7a V82A	ORF7a V82A	ORF7a V82A	ORF7a V82A	ORF7a V82A
	ORF7a T120I	ORF7a T120I	ORF7a T120I	ORF7a T120I	ORF7a T120I
	ORF8 S84L	ORF8 S84L	ORF8 S84L	ORF8 S84L	ORF8 S84L
	ORF8 del119/120	ORF8 del119/120	ORF8 del119/120	ORF8 del119/120	ORF8 del119/120
	N D63G	N D63G	N D63G	N D63G	N D63G
	N R203M	N R203M	N R203M	N R203M	N R203M
	N D377Y	N D377Y	N D377Y	N D377Y	N D377Y

Tabela 2. Mutações características de algumas sublinhagens de Delta de maior importância epidemiológica no Brasil. Adaptado de <https://outbreak.info/>.



Bibliografia

Latif AA, Mullen JL, Alkuzweny M, Tsueng G, Cano M, et al. **AY.99.2 Lineage Report**. outbreak.info, (disponível em <https://outbreak.info/situation-reports?>). Acessado em 24/Janeiro/2022.

Lima, ARJ Gabriela Ribeiro, Viala VL, de Lima LPO, Martins AJ, Barros CRS, et al. **SARS-CoV-2 genomic monitoring in the São Paulo State unveils new sublineages of the AY.43 strain**. medRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2021.11.29.21266819>.

Rambaut, A., Holmes, E.C., O'Toole, Á. et al. **A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology**. Nature Microbiology 2020; 5:1403–1407. <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>.



APÊNDICE – Variantes por Estado

Data de coleta entre 01-10-2021 e 15-10-2021				
Região Norte	Amazonas	N=2	AY.122	100% (2/2)
	Acre	N=0		
	Amapá	N=0		
	Pará	N=5	AY.46 AY.99.2 B.1.617.2 P.1.7	20% (1/5) 20% (1/5) 20% (1/5) 40% (2/5)
	Rondônia	N=1	AY.43	100% (1/1)
	Roraima	N=0		
	Tocantins	N=2	AY.99.2	100% (2/2)



Região Nordeste	Bahia	N=45	AY.101 AY.34 AY.39 AY.4 AY.43 AY.6 AY.99.2 B.1.617.2	2.2% (1/45) 2.2% (1/45) 2.2% (1/45) 2.2% (1/45) 6.7% (3/45) 2.2% (1/45) 20.0% (9/45) 62.3% (28/45)
	Paraíba	N=9	B.1.617.2 P.1	44.4% (4/9) 55.6% (5/9)
	Ceará	N=4	AY.99.2 B.1.617.2	50% (2/4) 50% (2/4)
	Maranhão	N=2	AY.43	100% (2/2)
	Pernambuco	N= 100	AY.100 AY.101 AY.20 AY.34 AY.34.1 AY.36 AY.43 AY.46.3 AY.99.2 B	4% (4/100) 3% (3/100) 1% (1/100) 5% (5/100) 3% (3/100) 2% (2/100) 2% (2/100) 1% (1/100) 75% (74/100) 1% (1/100)
	Piauí	N=23	AY.101 AY.34.1 AY.99.2 B.1.617.2 P.1.7	30.4% (7/23) 4.4% (1/23) 47.8% (11/23) 13.0% (3/23) 4.4% (1/23)
	Alagoas	N=1	AY.99.2	100% (1/1)
	Rio Grande do Norte	N=3	AY.99.2 B.1.617.2	66.7% (2/3) 33.3% (1/3)
	Sergipe	N=2	AY.99.2	100% (2/2)

Região Centro-Oeste	Mato-Grosso	N=8	AY.21 AY.46 AY.99.2 B.1.617.2	12.5% (1/8) 12.5% (1/8) 25% (2/8) 50% (4/8)
	Mato Grosso do Sul	N=5	AY.101 AY.99.1 AY.99.2	20% (1/5) 20% (1/5) 60% (3/5)
	Goiás	N=23	AY.101 AY.42 AY.43 AY.46.3 AY.99.2 B.1.617.2	8.7% (2/23) 8.7% (2/23) 4.3% (1/23) 4.3% (1/23) 30.5% (7/23) 39.2% (9/23)
	Distrito Federal	N=160	AY.101 AY.116.1 AY.4 AY.43 AY.43.1 AY.46.3 AY.99.1 AY.99.2 P.1.7	1.9% (3/160) 0.6% (1/160) 0.6% (1/160) 0.6% (1/160) 0.6% (1/160) 1.3% (2/160) 0.6% (1/160) 93.2% (149/160) 0.6% (1/160)

Região Sudeste	São Paulo	N=434	AY.100 AY.101 AY.116 AY.26 AY.33 AY.34 AY.34.1 AY.36 AY.39 AY.39 AY.43 AY.43.1 AY.43.2 AY.44 AY.46 AY.46.3 AY.46.6 AY.5 AY.5.2 AY.6 AY.99.2	0.2% (1/434) 0.9% (4/434) 0.2% (1/434) 0.7% (3/434) 0.2% (1/434) 12.2% (53/434) 1.1% (5/434) 3.2% (14/434) 2.1% (9/434) 0.2% (1/434) 26.5% (115/434) 1.1% (5/434) 0.7% (3/434) 0.5% (2/434) 0.7% (3/434) 7.2% (31/434) 0.5% (2/434) 0.5% (2/434) 0.2% (1/434) 0.5% (2/434) 7.2% (31/434)
	Rio de Janeiro	N=358	AY.101 AY.102 AY.116 AY.26 AY.3 AY.34 AY.39 AY.43 AY.43.1 AY.43.2 AY.46.3 AY.99	0.8% (3/358) 0.3% (1/358) 0.6% (2/358) 0.6% (2/358) 0.3% (1/358) 0.6% (2/358) 0.3% (1/358) 1.4% (5/358) 0.3% (1/358) 1.1% (4/358) 1.4% (5/358) 0.3% (1/358)
	Minas Gerais	N=17	AY.43 AY.46.6 AY.99.1 AY.99.2	5.9% (1/17) 5.9% (1/17) 11.7% (2/17) 76.5% (13/17)
	Espírito Santo	N=5	AY.99.1 AY.99.2	40% (2/5) 60% (3/5)

Região Sul	Paraná	N=153	AY.101 AY.116 AY.34 AY.39 AY.43 AY.43.1 AY.43.2	45.1% (69/153) 4.7% (7/153) 1.3% (2/153) 0.6% (1/153) 0.6% (1/153) 1.3% (2/153) 0.6% (1/153)
	Santa Catarina	N=121	AY.101 AY.12 AY.122 AY.39 AY.41 AY.43 AY.46 AY.46.3 AY.99.1 AY.99.2 B.1.617.2 P.1	10.7% (13/121) 0.8% (1/121) 0.8% (1/121) 1.6% (2/121) 3.3% (4/121) 5.0% (6/121) 3.3% (4/121) 3.3% (4/121) 0.8% (1/121) 14.1% (17/121) 55.5% (67/121) 0.8% (1/121)
	Rio Grande do Sul	N=5	AY.101 AY.99.2	20% (1/5) 80% (4/5)



APÊNDICE – Variantes por Estado

Data de coleta entre 01-09-2021 e 15-09-2021

Região Norte	Amazonas	N=2	AY.9.2	100% (2/2)
	Acre	N=0		
	Amapá	N=1	P.1.4	100% (1/1)
	Pará	N=2	AY.99.2	100% (2/2)
	Rondônia	N=0		
	Roraima	N=0		
	Tocantins	N=1	AY.101	100% (1/1)

Região Nordeste	Bahia	N=59	AY.122 AY.124 AY34 AY.34.1 AY.43 AY43.1 AY43.2 AY.99.1 AY.99.2	1.7% (1/59) 1.7% (1/59) 1.7% (1/59) 6.8% (4/59) 3.4% (2/59) 1.7% (1/59) 1.7% (1/59) 5.1% (3/59) 76.3% (45/59)
	Paraíba	N=11	AY.101 AY34.1 AY47	9.1% (1/11) 9.1% (1/11) 9.1% (1/11)
	Ceará	N=7	AY.46.3 AY.99.2	14.3% (1/7) 85.7% (6/7)
	Maranhão	N=7	AY.34.1.1 AY.36 AY.43 B.1.617.2	14.3% (1/7) 28.6% (2/7) 42.9% (3/7) 14.3% (1/7)
	Pernambuco	N= 66	AY.100 AY.101 AY.125 AY.20 AY.34 AY.34.1 AY.36 AY.43.1 AY.46.3	1.5% (1/66) 4.5% (3/66) 1.5% (1/66) 4.5% (3/66) 3% (2/66) 1.5% (1/66) 1.5% (1/66) 1.5% (1/66) 3% (2/66)
	Piauí	N=31	AY.101 AY.43 AY.99.1	29% (9/31) 6.4% (2/31) 3.2% (1/31)
	Alagoas	N=2	AY.34.1	100% (2/2)
	Rio Grande do Norte	N=27	A AY.43 AY.47	3.7% (1/27) 3.7% (1/27) 3.7% (1/27)
	Sergipe	N=0	B.1.617.2	100% (1/1)

Região Centro-Oeste	Mato Grosso	N=6	AY.26 AY.43 AY.46.3 AY.99.2	33.3% (2/6) 16.7% (1/6) 16.7% (1/6) 33.3% (2/6)
	Mato Grosso do Sul	N=20	AY.116 AY.119 AY.34.1 AY.43 AY.99.1	10% (2/20) 5% (1/20) 5% (1/20) 10% (2/20) 15% (3/20)
	Goiás	N=6	AY.43 AY.43.1	16.7% (1/6) 16.7% (1/6)
	Distrito Federal	N=109	AY.101 AY.118 AY.42 AY.43 AY.43.1	1.8% (2/109) 0.9% (1/109) 0.9% (1/109) 0.9% (1/109) 0.9% (1/109)

Região Sudeste	São Paulo	N=631	A AY.100 AY.101 AY.116 AY.122 AY.126 AY.25 AY.26 AY.3 AY.34 AY.34.1 AY.34.1.1 AY.36 AY.4 AY.43 AY.43.1 AY.43.2 AY.44 AY.46.3 AY.47 AY.5 AY.51 AY.54 AY.6 AY.88	0.1% (1/631) 0.3% (2/631) 3.3% (21/631) 0.4% (3/631) 0.6% (4/631) 0.1% (1/631) 0.4% (3/631) 0.1% (1/631) 0.1% (1/631) 0.8% (5/631) 5.1% (32/631) 8.7% (55/631) 2.1% (13/631) 0.1% (1/631) 17.6% (111/631) 13.8% (87/631) 8.4% (53/631) 0.1% (1/631) 6.7% (42/631) 0.4% (3/631) 0.4% (3/631) 0.1% (1/631) 0.1% (1/631) 0.1% (1/631)
	Rio de Janeiro	N=264	AY.101 AY.103 AY.116 AY.122 AY.25 AY.34 AY.34.1 AY.34.1.1 AY.36 AY.4 AY.4.2 AY.43 AY.43.1 AY.43.2	2.3% (6/264) 0.4% (1/264) 1.5% (4/264) 0.4% (1/264) 0.4% (1/264) 6% (16/264) 1.9% (5/264) 0.8% (2/264) 0.4% (1/264) 0.8% (2/264) 0.8% (2/264) 1.5% (4/264) 5.3% (14/264) 2.6% (7/264)
	Minas Gerais	N=33	AY101 AY.99.2	6% (2/33) 94% (31/33)
	Espírito Santo	N=18	AY.44 AY.46.3 AY.99.1 AY.99.2 B.1	5.6% (1/18) 5.6% (1/18) 16.7% (3/8) 66.7% (12/8) 5.6% (1/18)

Região Sul	Paraná	N= 59	AY.101 AY.106 AY.116 AY.122 AY.43 AY.43.2 AY.99.2 B.1.617.2	62.7% (37/59) 1.7% (1/59) 11.9% (7/59) 1.7% (1/59) 1.7% (1/59) 1.7% (1/59) 16.9% (10/59) 1.7% (1/59)
	Santa Catarina	N= 80	AY.101 AY.116 AY.121 AY.122	33.7% (27/80) 1.2% (1/80) 1.2% (1/80) 6.2% (5/80)
	Rio Grande do Sul	N=7	AY.99.2	100% (7/7)