genov

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

Relatório 7

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

dasa

Sumário

Introdução.....3

Casuística 4

Métodos.....7

Resultados 8

Prevalência da variante Ômicron 16

Recombinante XE 18

Referências 19

APÊNDICE – Variantes por Estado 20

Introdução

Neste sétimo relatório trazemos os dados do sequenciamento completo de 2.697 amostras colhidas na primeira quinzena de Fevereiro de 2022 (n=1515) e na primeira quinzena de Março de 2022 (n=1.182), provindas de pacientes da Dasa com RT-PCR positivo para SARS-CoV-2.

Nesse período observa-se a total predominância da VOC Ômicron em todas as regiões do país, assim como, nota-se um aumento da frequência da variante BA.2. Também foram identificadas em Março duas amostras contendo o recombinante XE e um novo recombinante ainda não classificado. Estes recombinantes demonstram um outro mecanismo de diversificação do SARS-CoV-2, além de mutações e deleções já fartamente documentadas. A Organização Mundial da Saúde recomenda que tais recombinantes sejam acompanhados de forma mais próxima e destacados da monitorização geral de variantes, reforçando novamente o papel da vigilância genômica.

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
Região Norte	21	30	29	4	3	10
Região Nordeste	49	198	35	187	162	188
Região Centro-Oeste	140	216	169	120	269	196
Região Sudeste*	117	212	161	224	269	275
Cidade São Paulo	36	254	177	201	244	285
Cidade Rio de Janeiro	190	124	157	229	295	274
Região Sul	76	263	228	275	142	279
Total	626	1.297	956	1240	1.384	1.487

01 a 15 de novembro de 2021	01 a 15 de dezembro de 2021	01 a 15 de janeiro de 2022	01 a 15 de fevereiro de 2022	01 a 15 de março de 2022	Total
6	1	10	22	0	136
210	126	32	229	79	1.495
141	29	88	247	259	1.874
413	175	165	248	289	2.548
415	271	155	233	334	2.595
128	42	172	278	131	2.000
146	95	217	258	90	2.069
1.449	**739**	**839**	**1.515**	**1.182**	**12.717**

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

2. Sexo

	01 a 15 de fevereiro de 2022		01 a 15 de março de 2022	
	Masculino	Feminino	Masculino	Feminino
Região Norte	36.4%	63.6%	-	-
Região Nordeste	54.8%	45.4%	38%	62%
Região Centro-Oeste	45%	55%	44.4%	55.6%
Região Sudeste*	42.3%	57.7%	39.8%	60.2%
Cidade São Paulo	42.1%	57.9%	42.2%	57.8%
Cidade Rio de Janeiro	41.8%	58.2%	35.9%	64.1%
Região Sul	45.3%	54.7%	55.6%	44.4%

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

3. Idade

	01 a 15 de fevereiro de 2022		01 a 15 de março de 2022	
	Mediana (anos)	Média (anos)	Mediana (anos)	Média(anos)
Região Norte	40.5 (0-80)	41.6	-	-
Região Nordeste	39 (0-89)	40.9	43 (10-93)	44.1
Região Centro-Oeste	38 (2-96)	39.5	38 (0-94)	39.6
Região Sudeste*	37 (0-95)	36.3	38 (0-94)	38.3
Cidade São Paulo	35 (0-94)	34.6	35 (0-82)	35.8
Cidade Rio de Janeiro	44 (0-102)	46.1	42 (4-93)	45.1
Cidade Sul	36 (0-91)	36.0	42 (1-92)	41.7

* 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) EM CIRCULAÇÃO		
B.617.2	Delta	Índia
B.1.1.529	Ômicron*	África do Sul
VARIANTES DE ATENÇÃO (VOCs) QUE CIRCULARAM ANTERIORMENTE		
B.1.1.7	Alfa	Reino Unido
B.1.351	Beta	África do Sul
P.1	Gama	Brasil (Amazonas)

Disponível em: https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/ 05 MAIO 2022.

* Ômicron inclui BA.1, BA.2, BA.3, BA.4, BA.5 e suas linhagens descendentes.
Também inclui as formas recombinantes BA.1/BA.2 como XE.

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 2.697 genomas completos de SARS-CoV-2, sendo 1.515 provenientes de amostras coletadas na primeira quinzena de Fevereiro/2022 e 1.182 da primeira quinzena de Março/2022 em diferentes regiões do país. Conforme o apêndice, 23 estados brasileiros tiveram pelo menos 1 amostra sequenciada, ausentes amostras do Amazonas, Amapá, Roraima e Alagoas. 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 Treshold) 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). As linhagens derivadas de Ômicron são designadas BA.n e as formas recombinantes Xx.

Resultados

A figura 1 abaixo mostra a dinâmica das VOCs encontradas de forma significativa no Brasil durante o período de atividade do projeto GENOV. Pode-se perceber que o processo de substituição total de uma VOC pela subsequente levou 2-3 meses em todos os casos. A VOC Alfa, que precedeu a Gama nunca se tornou onipresente no Brasil, justamente porque foi superada por esta (Levi, 2021).

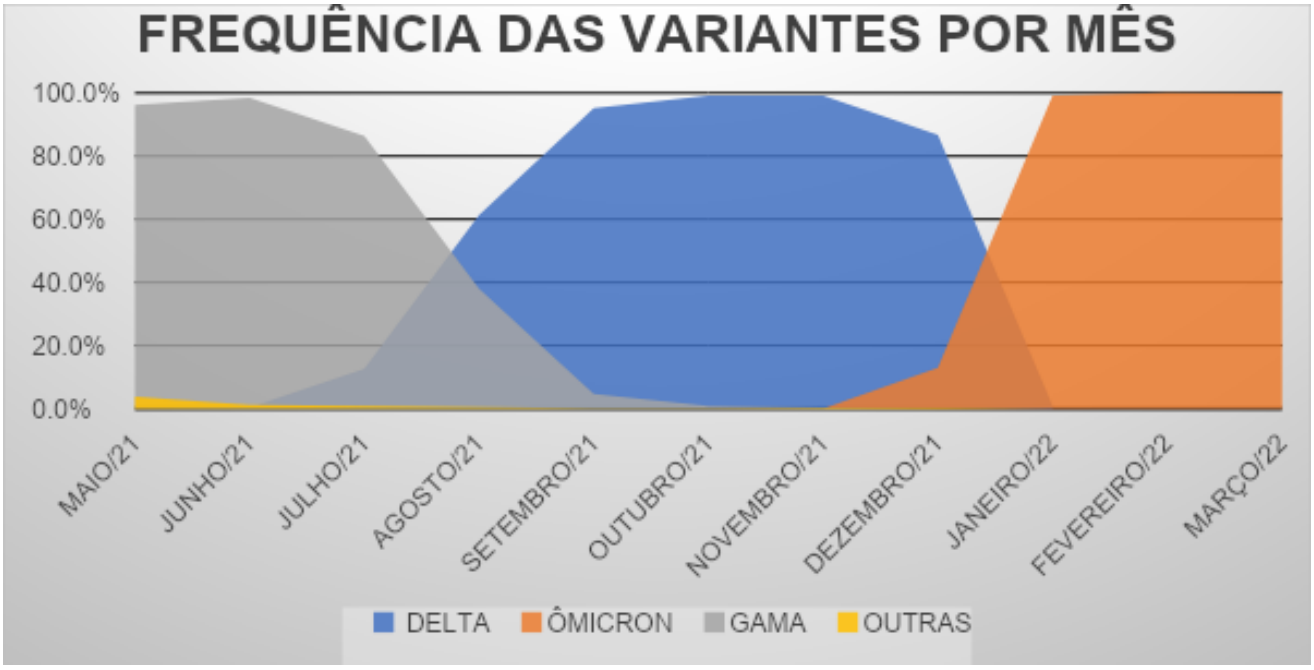


Figura 1. FREQUÊNCIA DAS VOCs ENCONTRADAS NO BRASIL PELO PROJETO GENOV.

Tabela 1 – Linhagens detectadas por região

	01 a 15 de fevereiro de 2021		01 a 15 de março de 2022
Região Norte	BA.1	22.7% (5/22)	
	BA.1.1	36.4% (8/22)	
	BA.1.14	36.4% (8/22)	
	BA.1.15	4.5% (1/22)	

	01 a 15 de fevereiro de 2021		01 a 15 de março de 2022	
Região Nordeste	BA.1	46.3% (106/229)	BA.1	24.1% (19/49)
	BA.1.1	30.6% (70/229)	BA.1.1	30.4% (24/49)
	BA.1.1.1	3.9% (9/229)	BA.1.1.1	2.5% (2/49)
	BA.1.13	0.5% (1/229)	BA.1.1.2	1.3% (1/49)
	BA.1.14	13.5% (31/229)	BA.1.14	16.4% (13/49)
	BA.1.15	3.5% (8/229)	BA.1.15	10.1% (8/49)
	BA.1.17	1.7% (4/229)	BA.1.17.2	3.8% (3/49)
			BA.2	11.4% (9/49)

	01 a 15 de fevereiro de 2021		01 a 15 de março de 2022	
Região Centro-Oeste	BA.1	13.9% (34/247)	BA.1	9.7% (25/259)
	BA.1.1	49% (121/247)	BA.1.1	57.1% (148/259)
	BA.1.1.14	0.8% (2/247)	BA.1.1.1	2.3% (6/259)
	BA.1.1.15	0.4% (1/247)	BA.1.14	25.1% (65/259)
	BA.1.14	29.1% (72/247)	BA.1.15	1.5% (4/259)
	BA.1.15	4% (10/247)	BA.1.17	1.2% (3/259)
	BA.1.17	2.4% (6/247)	BA.1.6	0.4% (1/259)
	BA.2	0.4% (1/247)	BA.2	1.9% (5/259)
			BA.2.9	0.8% (2/259)

	01 a 15 de fevereiro de 2021		01 a 15 de março de 2022	
Região Sudeste	BA.1	36.3% (90/248)	BA.1	25.3% (73/289)
	BA.1.1	27.4% (68/248)	BA.1.1	35.6% (103/289)
	BA.1.1.1	3.2% (8/248)	BA.1.1.1	3.5% (10/289)
	BA.1.1.14	0.8% (2/248)	BA.1.1.14	1.4% (4/289)
	BA.1.1.16	0.8% (2/248)	BA.1.1.16	0.3% (1/289)
	BA.1.14	21% (52/248)	BA.1.13	1% (3/289)
	BA.1.15	6.5% (16/248)	BA.1.14	9.7% (28/289)
	BA.1.17	1.2% (3/248)	BA.1.15	8% (23/289)
	BA.1.17.2	1.2% (3/248)	BA.1.17.2	2.1% (6/289)
	BA.1.9	0.4% (1/248)	BA.1.5	0.3% (1/289)
	BA.2	1.2% (3/248)	BA.1.9	0.3% (1/289)
			BA.2	11.8% (34/289)
			BA.2.3	0.7% (2/289)

	01 a 15 de fevereiro de 2021		01 a 15 de março de 2022	
Cidade São Paulo	BA.1	37.8% (88/233)	AY.99.2	0.3% (1/334)
	BA.1.1	32.2% (75/233)	BA.1	22.3% (75/334)
	BA.1.1.14	1.3% (3/233)	BA.1.1	35.4% (118/334)
	BA.1.13	0.4% (1/233)	BA.1.1.1	1.5% (5/334)
	BA.1.14	17.2% (40/233)	BA.1.1.10	0.3% (1/334)
	BA.1.15	6% (14/233)	BA.1.1.14	1.2% (4/334)
	BA.1.17	1.3% (3/233)	BA.1.14	12.6% (42/334)
	BA.1.19	0.4% (1/233)	BA.1.15	9.3% (31/334)
	BA.1.9	3% (7/233)	BA.1.17	0.3% (1/334)
	BA.2	0.4% (1/233)	BA.1.17.2	0.6% (2/334)
			BA.1.9	0.6% (2/334)
			BA.2	12% (40/334)
			BA.2.1	0.3% (1/334)
			BA.2.3	1.2% (4/334)
			BA.2.9	1.5% (5/334)
			XE	0.6% (2/334)

	01 a 15 de fevereiro de 2021		01 a 15 de março de 2022	
Cidade Rio de Janeiro	BA.1	31.7% (88/278)	BA.1	14.5% (19/131)
	BA.1.1	32.4% (90/278)	BA.1.1	45.7% (60/131)
	BA.1.1.1	1.4% (4/278)	BA.1.1.1	0.8% (1/131)
	BA.1.1.10	1.4% (4/278)	BA.1.1.14	0.8% (1/131)
	BA.1.1.14	1.1% (3/278)	BA.1.14	6.1% (8/131)
	BA.1.1.16	0.4% (1/278)	BA.1.15	6.1% (8/131)
	BA.1.14	15.8% (44/278)	BA.1.17.2	0.8% (1/131)
	BA.1.15	9% (25/278)	BA.1.9	2.3% (3/131)
	BA.1.17	2.8% (8/278)	BA.2	16% (21/131)
	BA.1.17.2	0.4% (1/278)	BA.2.3	2.3% (3 /131)
	BA.1.9	0.4% (1/278)	BA.2.9	4.6% (6/131)
	BA.2	2.8% (8/278)		
	BA.2.3	0.4% (1/278)		

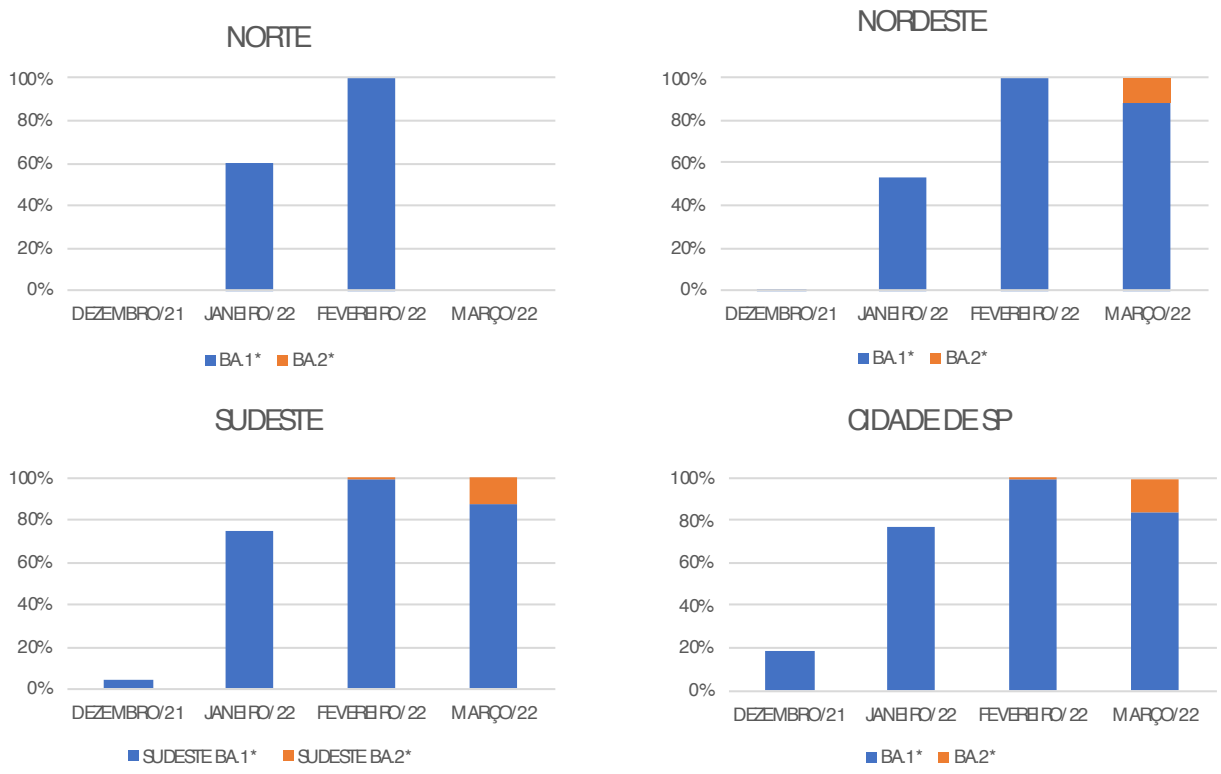
	01 a 15 de fevereiro de 2021		01 a 15 de março de 2022	
Região Sul	BA.1	27.1% (70/258)	BA.1	17.8% (16/90)
	BA.1.1	41.5% (107/258)	BA.1.1	40% (36/90)
	BA.1.1.1	2.3% (6/258)	BA.1.1.1	1.1% (1/90)
	BA.1.1.14	11.6% (30/258)	BA.1.1.14	8.9% (8/90)
	BA.1.1.7	0.4% (1/258)	BA.1.14	6.7% (6/90)
	BA.1.14	1.0% (26/258)	BA.1.15	4.4% (4/90)
	BA.1.15	3.1% (8/258)	BA.2	21.1% (19/90)
	BA.1.17	1.9% (5/258)		
	BA.1.17.2	0.4% (1/258)		
	BA.2	1.6% (4/258)		

** exceto cidade de São Paulo e cidade do Rio de Janeiro

Prevalência da variante Ômicron

Em todas as regiões do país as amostras analisadas foram classificadas como Ômicron, com exceção de uma única amostra coletada em março/22 na cidade de São Paulo classificada como Delta. Assim como ocorrido com as outras VOCs anteriores, a VOC Ômicron também apresenta um grande número de sublinhagens, seja por introduções das mesmas, mas também por mutações linhagem-específicas possivelmente ocorrendo já no Brasil, como descrevemos anteriormente para a VOC Delta (Romano, 2022).

Embora as linhagens BA.1 e BA.2 tenham surgido simultaneamente na África do Sul, a dispersão da BA.1 foi muito mais intensa inicialmente, tornando-se a linhagem de Ômicron dominante em todo o mundo (Viana, 2022). Surpreendentemente, países do norte da Europa, notavelmente a Dinamarca, passaram a experimentar uma segunda onda causada pela BA.2, que se espalhou da mesma forma e se tornou predominante no globo (Desingu, 2022). Aqui no Brasil começamos a detectar BA.2 a partir de Fevereiro/22 e a figura 3 mostra o crescimento da frequência de BA.2 sobre BA.1 observada em todas as regiões a partir de Março/22.



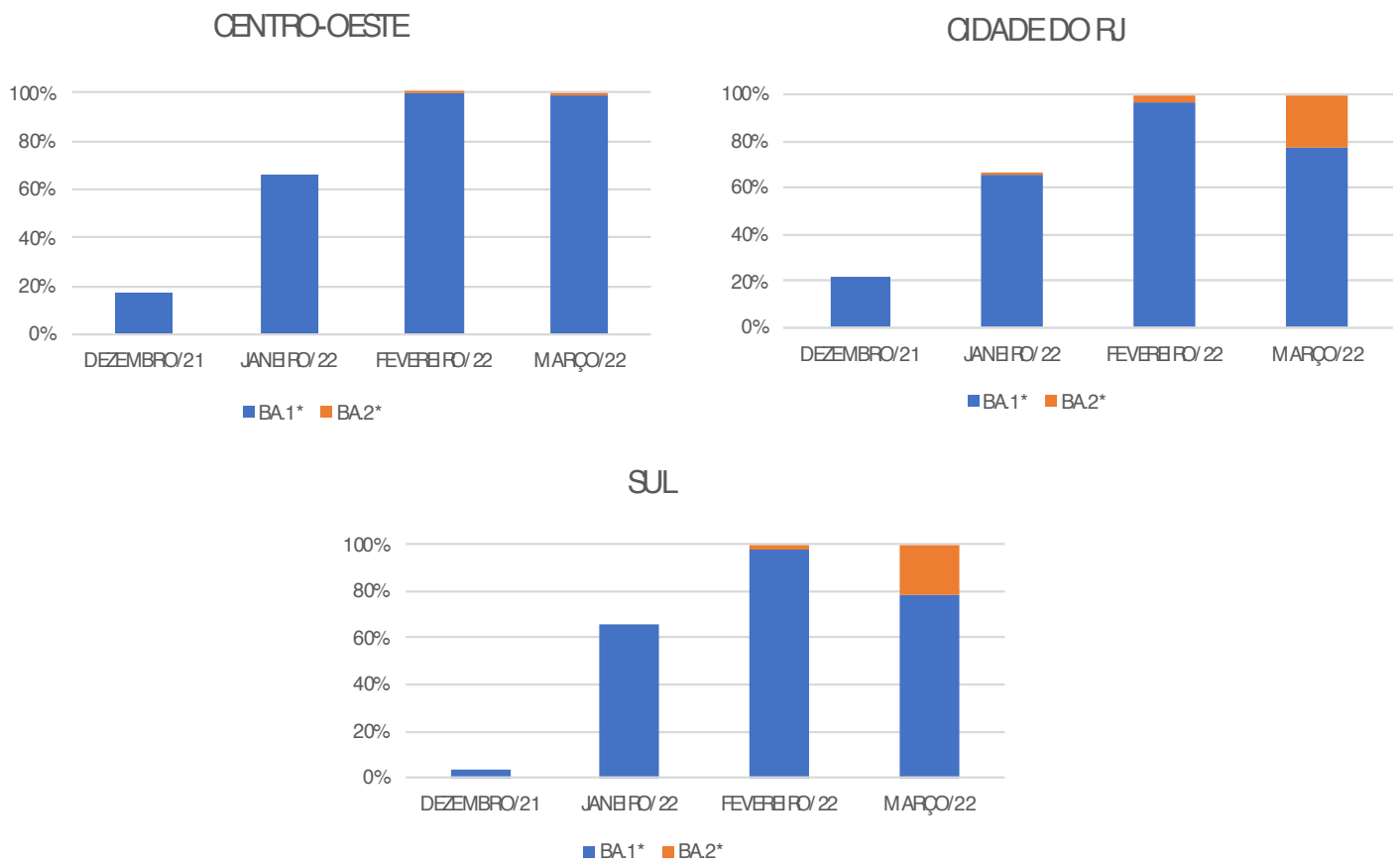
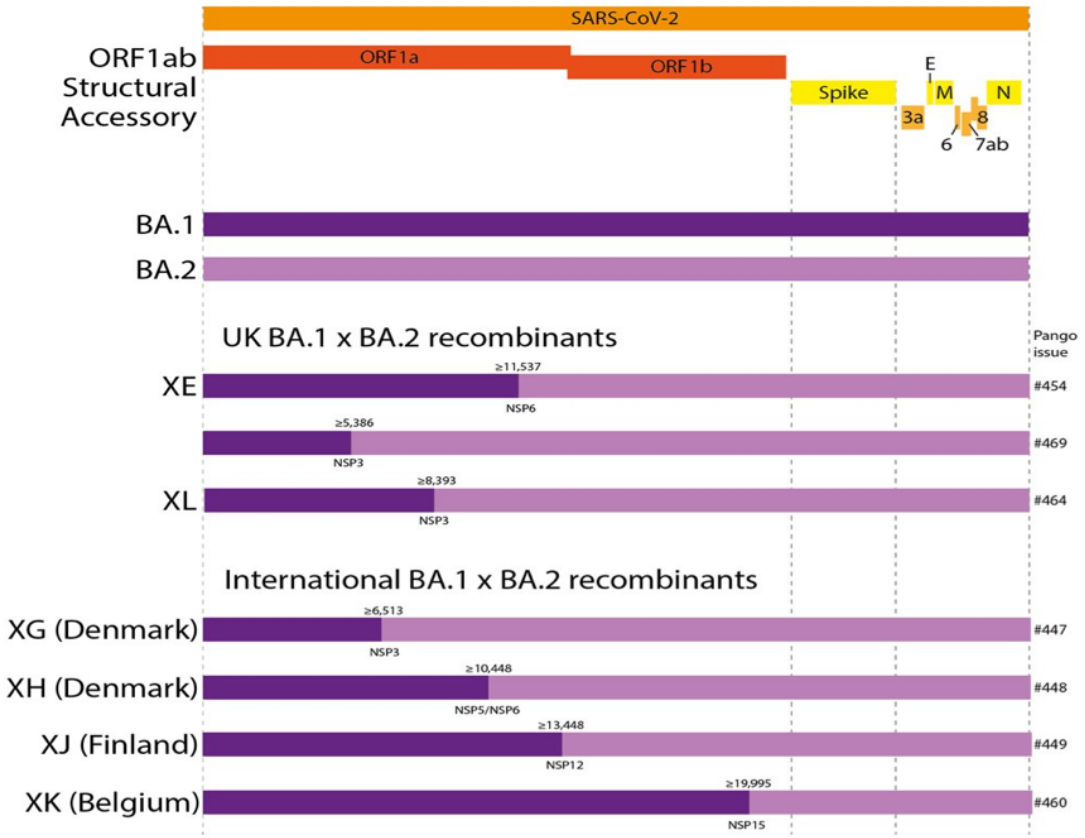


Figura 2. Frequência das sublinhagens BA.1 e BA.2 de Ômicron nas 5 regiões brasileiras e nas cidades do Rio de Janeiro e São Paulo nas amostras do GENOV entre dezembro/21, janeiro/2022, fevereiro/22 e março/22. Região Norte (n= 30), Nordeste (n= 311), Sudeste (n= 709), Centro-Oeste (n= 596), Sul (n= 579), Cidade de São Paulo (n=779) e Cidade do Rio de Janeiro (n= 588).

Recombinante XE

Em duas amostras foi identificado o recombinante XE (BA.1/BA.2, com breakpoint aproximado em 11.537). Esse recombinante foi inicialmente identificado em 16 de janeiro de 2022, no Reino Unido (issue #454) e também já foi encontrado em São Paulo, pelo Instituto Butantan (EPI_ISL_11294819). Ambas amostras (EPI_ISL_12103643 e EPI_ISL_12103644) são de crianças de 10 anos de idade, da cidade de São Paulo e foram coletadas no dia 11 de março de 2022. As crianças possuem vínculo epidemiológico.

A figura 3 abaixo mostra os perfis dos diferentes recombinantes BA.1/BA.2 já detectados pelo mundo:



Referências

Desingu PA, Nagarajan K. **Omicron BA.2 lineage spreads in clusters and is concentrated in Denmark.** J Med Virol 2022;94(6):2360-2364.

Levi JE, Oliveira CM, Croce BD, Telles P, Lopes ACW, Romano CM, Lira DB, Resende ACM, Lopes FP, Ruiz AA and Campana G. **Dynamics of SARS-CoV-2 Variants of Concern in Brazil, Early 2021.** Front. Public Health 2021, 9:784300.

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.

Romano CM, Oliveira CM, Sussuchi L, Levi JE. **Early emergence and dispersal of Delta SARS-CoV-2 lineage AY.99.2 in Brazil.** Frontiers in Medicine 2022, submitted.

Viana R, Moyo S, Amoako DG, et al. **Rapid epidemic expansion of the SARS-CoV-2 Omicron variant in southern Africa.** Nature. 2022;603: 679-686.

APÊNDICE – Variantes por Estado

	Data de coleta entre 01-02-2022 e 15-02-2022			
Região Norte	Amazonas	N=0		
	Acre	N=4	BA.1.1 BA.1.14	50% (2/4) 50% (2/4)
	Amapá	N=0		
	Pará	N=7	BA.1 BA.1.1 BA.1.14 BA.1.15	28.6% (2/7) 28.6% (2/7) 28.6% (2/7) 14.2% (1/7)
	Rondônia	N=2	BA.1	100% (2/2)
	Roraima	N=0		
	Tocantins	N=9	BA.1 BA.1.1 BA.1.14	11.2% (1/9) 44.4% (4/9) 44.4% (4/9)

Região Nordeste	Bahia	N=67	BA.1	47.8% (32/67)
			BA.1.1	35.8% (24/67)
			BA.1.1.1	1.5% (1/67)
			BA.1.14	10.4% (7/67)
			BA.1.14	4.5% (3/67)
	Paraíba	N=10	BA.1	50% (5/10)
			BA.1.1	30% (3/10)
			BA.1.14	20% (2/10)
	Ceará	N=3	BA.1	33.3% (1/3)
			BA.1.14	66.7% (2/3)
	Maranhão	N=2	BA.1.14	100% (2/2)
	Pernambuco	N= 122	BA.1	43.5% (53/122)
			BA.1.1	30.3% (37/122)
			BA.1.1.1	5.7% (7/122)
			BA.1.14	13.9% (17/122)
			BA.1.15	3.3% (4/122)
			BA.1.17	3.3% (4/122)
	Piauí	N=11	BA.1	63.6% (7/11)
			BA.1.1.1	9.1% (1/11)
			BA.1.13	9.1% (1/11)
			BA.1.14	18.2% (2/11)
	Alagoas	N=0		
	Rio Grande do Norte	N=9	BA.1	44.5% (4/9)
			BA.1.1	33.3% (3/9)
			BA.1.14	11.1% (1/9)
			BA.1.1	11.1% (1/9)
	Sergipe	N=5	BA.1	80% (4/5)
			BA.1.1	20% (1/5)

Região Centro-Oeste	Mato-Grosso	N=8	BA.1 BA.1.14	37.5% (3/8) 62.5% (5/8)
	Mato Grosso do Sul	N=8	BA.1 BA.1.1 BA.1.14 BA.1.15 BA.1.17	12.5% (1/8) 37.5% (3/8) 25.0% (2/8) 12.5% (1/8) 12.5% (1/8)
	Goiás	N=28	BA.1 BA.1.1 BA.1.14 BA.1.15 BA.1.17	10.7% (3/28) 14.3% (4/28) 64.3% (18/28) 3.6% (1/28) 7.1% (2/28)
	Distrito Federal	N=203	BA.1 BA.1.1 BA.1.1.14 BA.1.1.15 BA.1.14 BA.1.15 BA.1.17 BA.2	14.8% (30/203) 54.6% (111/203) 1% (2/203) 0.5% (1/203) 23.2% (47/203) 3.9% (8/203) 1.5% (3/203) 0.5% (1/203)

Região Sudeste	São Paulo	N=423	BA.1	38.8% (164/423)
			BA.1.1	29.1% (123/423)
			BA.1.1.1	1.4% (6/423)
			BA.1.1.14	1.2% (5/423)
			BA.1.1.16	0.2% (1/423)
			BA.1.13	0.2% (1/423)
			BA.1.14	18.7% (79/423)
			BA.1.15	6.1% (26/423)
			BA.1.17	1.2% (5/423)
			BA.1.17.2	0.5% (2/423)
			BA.1.19	0.2% (1/423)
			BA.1.9	1.9% (8/423)
	Rio de Janeiro	N=312	BA.1	31.1% (97/312)
			BA.1.1	33.3% (104/312)
			BA.1.1.1	1.6% (5/312)
			BA.1.1.10	1.3% (4/312)
			BA.1.1.14	1% (3/312)
			BA.1.1.16	0.6% (2/312)
			BA.1.14	15.4% (48/312)
			BA.1.15	8.7% (27/312)
			BA.1.17	2.6% (8/312)
			BA.1.17.2	0.6% (2/312)
			BA.1.9	0.3% (1/312)
			BA.2	3.2% (10/312)
			BA.2.3	0.3% (1/312)

Região Sudeste	Minas Gerais	N=23	BA.1	17.4% (4/23)
			BA.1.1	26.2% (6/23)
			BA.1.1.1	4.3% (1/23)
			BA.1.14	39.1% (9/23)
			BA.1.15	8.7% (2/23)
			BA.1.17	4.3% (1/23)
	Espírito Santo	N=1	BA.1	100% (1/1)

Região Sul	Paraná	N= 189	BA.1	25.9%
			BA.1.1	(49/189)
			BA.1.1.1	41.4% (78/189)
			BA.1.1.14	2.1% (4/189)
			BA.1.1.7	14.8% (28/189)
			BA.1.14	0.5% (1/189)
			BA.1.15	9.5% (18/189)
			BA.1.17	2.6% (5/189)
			BA.2	1.6% (3/189)
				1.6% (3/189)
	Santa Catarina	N= 59	BA.1	35.6% (21/59)
			BA.1.1	38.9% (23/59)
			BA.1.1.1	3.4% (2/59)
			BA.1.1.14	3.4% (2/59)
			BA.1.14	10.2% (6/59)
			BA.1.15	3.4% (2/59)
			BA.1.17	1.7% (1/59)
			BA.1.17.2	1.7% (1/59)
			BA.2	1.7% (1/59)
	Rio Grande do Sul	N=10	BA.1.1	60% (6/10)
			BA.1.14	20% (2/10)
			BA.1.15	10% (1/10)
			BA.1.17	10% (1/10)

APÊNDICE – Variantes por Estado

	Data de coleta entre 01-03-2022 e 15-03-2022		
Região Norte	Amazonas	N=0	
	Acre	N=0	
	Amapá	N=0	
	Pará	N=0	
	Rondônia	N=0	
	Roraima	N=0	
	Tocantins	N=0	

Região Nordeste	Bahia	N=35	BA.1 BA.1.1 BA.1.1.1 BA.1.1.2 BA.1.14 BA.1.15 BA.2	25.7% (9/35) 31.4% (11/35) 2.9% (1/35) 2.9% (1/35) 11.4% (4/35) 8.6% (3/35) 17.1% (6/35)
	Paraíba	N=2	BA.1.1	100% (2/2)
	Ceará	N=0		
	Maranhão	N=1	BA.1.14	100% (1/1)
	Pernambuco	N= 27	BA.1 BA.1.1 BA.1.1.1 BA.1.14 BA.1.15 BA.1.17.2 BA.2	18.5% (5/27) 25.9% (7/27) 3.7% (1/27) 22.3% (6/27) 18.5% (5/27) 3.7% (1/27) 7.4% (2/27)
	Piauí	N=12	BA.1 BA.1.1 BA.1.14 BA.1.17.2	41.6% (5/12) 25% (3/12) 16.7% (2/12) 16.7% (2/12)
	Alagoas	N=0		
	Rio Grande do Norte	N=2	BA.1.1 BA.2	50% (1/2) 50% (1/2)
	Sergipe	N=0		

Região Centro-Oeste	Mato Grosso	N=6	BA.1 BA.1.14	16.7% (1/6) 83.3% (5/6)
	Mato Grosso do Sul	N=3	BA.1.1.1 BA.1.14 BA.1.15	33.3% (1/3) 33.3% (1/3) 33.3% (1/3)
	Goiás	N=25	BA.1 BA.1.1 BA.1.1.1 BA.1.14 BA.1.17	8% (2/25) 36% (9/25) 4% (1/25) 48% (12/25) 4% (1/25)
	Distrito Federal	N=225	BA.1 BA.1.1 BA.1.1.1 BA.1.14 BA.1.15 BA.1.17 BA.1.6 BA.2 BA.2.9	10.3% (23/225) 61.3% (138/225) 1.8% (4/225) 20.9% (47/225) 1.3% (3/225) 0.9% (2/225) 0.4% (1/225) 2.2% (5/225) 0.9% (2/225)

Região Sudeste	São Paulo	N=565	AY.99.2	0.2% (1/565)
			BA.1	24.1% (136/565)
			BA.1.1	34.6% (196/565)
			BA.1.1.1	2.5% (14/565)
			BA.1.1.10	0.2% (1/565)
			BA.1.1.14	1.4% (8/565)
			BA.1.1.16	0.2% (1/565)
			BA.1.13	0.4% (2/565)
			BA.1.14	11.5% (65/565)
			BA.1.15	8.9% (51/565)
			BA.1.17	0.2% (1/565)
			BA.1.17.2	1.2% (7/565)
			BA.1.5	0.2% (1/565)
			BA.1.9	0.4% (2/565)
			BA.2	11.5% (65/565)
			BA.2.1	0.2% (1/565)
			BA.2.3	1% (6/565)
			BA.2.9	0.9% (5/565)
			XE	0.4% (2/565)
	Rio de Janeiro	N=166	BA.1	15.1% (25/166)
			BA.1.1	47.6% (79/166)
			BA.1.1.1	0.6% (1/166)
			BA.1.1.14	0.6% (1/166)
			BA.1.14	6.6% (11/166)
			BA.1.15	5.4% (9/166)
			BA.1.17.2	0.6% (1/166)
			BA.1.9	1.8% (3/166)
			BA.2	16.3% (27/166)
			BA.2.3	1.8% (3/166)
			BA.2.9	3.6% (6/166)

Região Sudeste	Minas Gerais	N=21	BA.1	28.6% (6/21)
			BA.1.1	28.6% (6/21)
			BA.1.1.1	4.8% (1/21)
			BA.1.14	4.8% (1/21)
			BA.1.15	9.4% (2/21)
			BA.1.17.2	4.8% (1/21)
			BA.1.9	4.8% (1/21)
			BA.2	14.2% (3/21)
	Espírito Santo	N=2	BA.1.13	50% (1/2)
			BA.1.14	50% (1/2)

Região Sul	Paraná	N= 55	BA.1	21.9% (12/55)
			BA.1.1	41.8% (23/55)
			BA.1.1.1	1.8% (1/55)
			BA.1.1.14	10.9% (6/55)
			BA.1.14	9.1% (5/55)
			BA.1.15	1.8% (1/55)
			BA.2	12.7% (7/55)
	Santa Catarina	N= 33	BA.1	12.1% (4/33)
			BA.1.1	33.3% (11/33)
			BA.1.1.14	6.1% (2/33)
			BA.1.14	3% (1/33)
			BA.1.15	9.1% (3/33)
			BA.2	36.4% (12/33)
	Rio Grande do Sul	N=2	BA.1.1	100% (2/2)