

Relatório 10

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



Sumário

Introdução.....	3
Casuística	4
Métodos.....	8
Resultados	9
APÊNDICE – Variantes por Estado.....	21



Introdução

Neste décimo relatório trazemos os dados do sequenciamento completo de 1.306 amostras colhidas na primeira quinzena de Agosto de 2022 e 273 na primeira quinzena de Setembro de 2022, provindas de pacientes da Dasa com RT-PCR positivo para SARS-CoV-2. Neste período, continuamos observando a dominância da linhagem BA.5 e expansão de suas sublinhagens com destaque para BA.5.1 e BA.5.2.1. Apesar do predomínio destas, este bimestre é marcado pela queda progressiva da incidência de casos, com o mês de Setembro terminando com a menor taxa de positividade observada em 2022 (ver figura 2). No entanto, foram detectadas pela primeira vez nas amostras do GENOV as variantes BA.2.75.5, BL.1, BQ.1 e BQ.1.1, responsáveis pelo aumento de casos em outros países e que deverão ser monitoradas nos próximos meses.

Boa leitura!

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

Casuística

1. Número de amostras/região. Todas amostras são da primeira quinzena do mês.

	Maior de 2021	Junho de 2021	Julho de 2021	Agosto de 2021	Setembro de 2021	Outubro de 2021	Novembro de 2021	Dezembro de 2021	Janeiro de 2022	Fevereiro de 2022	Março de 2022	Abril de 2022	Maior de 2022	Junho de 2022	Julho de 2022	Agosto de 2022	Setembro de 2022	Total
Região Norte	21	30	29	4	3	10	6	1	10	22	0	0	1	9	1	1	0	148
Região Nordeste	49	198	35	187	162	188	210	126	32	229	79	23	144	154	68	126	5	2.015
Região Centro-Oeste	140	216	169	120	269	196	141	29	88	247	259	49	289	151	98	152	24	2.637
Região Sudeste*	117	212	161	224	269	275	413	175	165	248	289	210	243	264	198	210	56	3.729
Cidade São Paulo	36	254	177	201	244	285	415	271	155	233	334	344	271	282	224	182	90	3.988
Cidade Rio de Janeiro	190	124	157	229	295	274	128	42	172	278	131	129	265	230	139	189	16	2.968
Região Sul	76	263	228	275	142	279	146	95	217	258	90	275	36	272	260	176	82	3.170
Total	626	1.297	956	1240	1.384	1.487	1.449	739	839	1.515	1.182	1.030	1.249	1.362	988	1.036	273	18.655

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



2. Sexo. Todas amostras são da primeira quinzena do mês.

Janeiro/22		Fevereiro/22		Março/22		Abril/22		Maio/22		Junho/22		Julho/22		Agosto/22		Setembro/22	
Masculino	Feminino	Masculino	Feminino	Masculino	Feminino	Masculino	Feminino	Masculino	Feminino	Masculino	Feminino	Masculino	Feminino	Masculino	Feminino	Masculino	Feminino
20%	80%	36.4%	63.6%	-	-	-	-	-	100%	33.3%	66.7%	-	100%	100%	-	-	-
46.9%	53.1%	54.8%	45.4%	38%	62%	35%	65%	36.1%	63.9%	43.5%	56.5%	39.7%	60.3%	40.5%	59.5%	60%	40%
48.9%	51.1%	45%	55%	44.4%	55.6%	49%	51%	43.6%	56.4%	41.7%	58.3%	51.1%	48.9%	38.8%	61.2%	25%	75%
41.2%	58.8%	42.3%	57.7%	39.8%	60.2%	39.6%	60.4%	38.7%	61.3%	43.2%	56.8%	37.9%	62.1%	39.5%	60.5%	33.9%	66.1%
48.7%	51.3%	42.1%	57.9%	42.2%	57.8%	40.4%	59.6%	48%	52%	39.7%	60.3%	37%	63%	39%	61%	43.3%	56.7%
50.6%	49.4%	41.8%	58.2%	35.9%	64.1%	45.7%	54.3%	40%	60%	34.8%	65.2%	38.8%	61,2%	34.9%	65.1%	43.7%	56.3%
42.9%	57.1%	45.3%	54.7%	55.6%	44.4%	44.7%	55.3%	27.8%	72.2%	44.1%	55.9%	39.6%	60.4%	40.9%	59.1%	48.8%	51.2%

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

3. Idade. Todas amostras são da primeira quinzena do mês.

	Janeiro/22		Fevereiro/22		Março/22		Abril/22		Maio/22		Junho/22		Julho/22		Agosto/22		Setembro/22	
	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)	Mediana (anos)
Região Norte	35 (26-66)	41.2	40.5 (0-80)	41.6	-	-	-	-	42	42	47 (37-87)	52.11	58	58	28	28	-	-
Região Nordeste	40 (1-81)	42.5	39 (0-89)	40.9	43 (10-93)	44.1	52 (17-78)	48.78	42 (10-92)	42.97	41.5 (4-84)	42.48	53.5 (0-90)	52.91	48 (8-95)	49.73	61 (46-75)	58.8
Região Centro-Oeste	36.5 (11-85)	38.2	38 (2-96)	39.5	38 (0-94)	39.6	37 (2-74)	38.02	40 (2-92)	41.03	40 (1-90)	40.95	47.5 (0-93)	49.03	45 (0-92)	45.29	43 (16-70)	44.79
Região Sudeste	34 (1-95)	37.5	37 (0-95)	36.3	38 (0-94)	38.3	40 (4-78)	41.25	39 (5-89)	38.8	38 (0-89)	38.59	42 (1-86)	42.06	40.5 (0-90)	44.38	44 (11-89)	46.21
Região São Paulo	33.5 (0-86)	34.2	35 (0-94)	34.6	35 (0-82)	35.8	34 (0-86)	34.97	38 (0-91)	38.67	39 (0-88)	39.62	40 (0-93)	41.13	40 (0-97)	40.40	36.5 (6-75)	41.13
Região Rio de Janeiro	34 (1-86)	36.8	44 (0-102)	46.1	42 (4-93)	45.1	41 (7-93)	42.47	49 (1-94)	47.79	48 (0-95)	48.53	46 (2-96)	49.91	54 (2-97)	54.43	50.5 (26-88)	50
Região Sul	36 (4-91)	38.2	36 (0-91)	36.0	42 (1-92)	41.7	43 (1-97)	43.41	42.5 (10-79)	43	42 (1-93)	43.32	41 (0-97)	42.96	40.5 (0-92)	43.44	52 (14-93)	51.96

* 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.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)
B.617.2	Delta	Índia

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

Disponível em: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
23 SETEMBRO 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 1.579 genomas completos de SARS-CoV-2, sendo 1.036 provenientes de amostras coletadas na primeira quinzena de Agosto/2022 e 273 da primeira quinzena de Setembro/2022, em diferentes regiões do país, conforme o apêndice. A escolha das amostras objetivou representar todas as 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.

Além da casuística amostral, três amostras de São Paulo coletadas na segunda quinzena de Setembro de 2022 também foram sequenciadas pois apresentaram alteração no padrão de resultado do RT-PCR (Kit Thermo). Nesse kit de PCR multiplex, tendo como alvo os genes N, S e ORF1a, ocorre o fenômeno denominado de “S-dropout” que é a ausência de amplificação deste gene alvo quando o vírus apresenta a deleção 69/70 do gene S. A linhagem BA.2 não tem esta deleção, mas BA.4 e BA.5 tem, portanto, a grande maioria das amostras desde Julho/22 apresentam esta característica.

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.

Resultados

A amostragem de Setembro de 2022 do Genov reflete a queda na incidência da infecção pelo SARS-CoV-2 em todo o país e nas amostras da Dasa, resultando no menor número de amostras mensais sequenciadas desde o início do projeto, apenas 273, que são todas as amostras positivas com Ct<30 deste mês.

No período compreendido neste relatório observa-se o predomínio da variante BA.5 e suas sublinhagens, principalmente BA.5.1 e BA.5.2.1, conforme apresentado na tabela 2.

Tabela 2 - LINHAGENS DETECTADAS POR REGIÃO

	01 a 15 de junho de 2022		01 a 15 de julho de 2022	
Região Norte	BA.2	11.1% (1/9)	BF.12	100% (1/1)
	BA.2.9	11.1% (1/9)		
	BA.4	11.1% (1/9)		
	BA.5.1	55.6% (5/9)		
	BA.5.2.1	11.1% (1/9)		



Região	BA.2	16.9% (26/154)	BA.4	17.6% (12/68)
Nordeste	BA.2.12.1	2.6% (4/154)	BA.4.1	14.7% (10/68)
	BA.2.13	1.9% (3/154)	BA.5.1	22.0% (15/68)
	BA.2.23	2.6% (4/154)	BA.5.2	1.5% (1/68)
	BA.2.3	1.3% (2/154)	BA.5.2.1	41.2% (28/68)
	BA.2.3.6	1.3% (2/154)	BE.1	1.5% (1/68)
	BA.2.48	0.6% (1/154)	BF.12	1.5% (1/68)
	BA.2.52	0.6% (1/154)		
	BA.2.56	0.6% (1/154)		
	BA.2.81	0.6% (1/154)		
	BA.2.9	3.2% (5/154)		
	BA.2.9.3	1.9% (3/154)		
	BA.4	9.7% (15/154)		
	BA.4.1	35.7% (55/154)		
	BA.5.1	5.1% (8/154)		
	BA.5.1.2	0.6% (1/154)		
	BA.5.2.1	11.0% (17/154)		
	BA.5.5	0.6% (1/154)		
	BE.1	0.6% (1/154)		
	XAG	1.9% (3/154)		



Região Centro- Oeste	BA.1.1	0.7% (1/151)	BA.2	3.1% (3/98)
	BA.2	15.9% (24/151)	BA.2.12.1	1% (1/98)
	BA.2.12.1	2.6% (4/151)	BA.2.56	4.1% (4/98)
	BA.2.23	0.7% (1/151)	BA.2.81	2% (2/98)
	BA.2.3	0.7% (1/151)	BA.2.9.3	1% (1/98)
	BA.2.48	0.7% (1/151)	BA.4	5.1% (5/98)
	BA.2.56	3.9% (6/151)	BA.4.1	1% (1/98)
	BA.2.81	0.7% (1/151)	BA.5.1	49% (48/98)
	BA.2.9	0.7% (1/151)	BA.5.2.1	33.7% (33/98)
	BA.4	6.6% (10/151)		
	BA.4.1	0.7% (1/151)		
	BA.4.6	0.7% (1/151)		
	BA.5.1	58.3% (88/151)		
	BA.5.2	0.7% (1/151)		
	BA.5.2.1	6.6% (10/151)		



Região Sudeste*	BA.2	22.0% (58/264)	BA.2	1.5% (3/198)
	BA.2.12.1	3.8% (10/264)	BA.2.12.1	0.5% (1/198)
	BA.2.13	0.4% (1/264)	BA.2.56	1.5% (3/198)
	BA.2.23	0.8% (2/264)	BA.4	36.4% (72/198)
	BA.2.3	0.8% (2/264)	BA.4.1	2.5% (5/198)
	BA.2.36	0.4% (1/264)	BA.4.6	1.5% (3/198)
	BA.2.47	0.4% (1/264)	BA.5	0.5% (1/198)
	BA.2.48	0.4% (1/264)	BA.5.1	13.1% (26/198)
	BA.2.56	2.3% (6/264)	BA.5.2	1.0% (2/198)
	BA.2.81	2.3% (6/264)	BA.5.2.1	38.9% (77/198)
	BA.2.9	3.8% (10/264)	BA.5.6	0.5% (1/198)
	BA.2.9.3	2.6% (7/264)	BE.1	0.5% (1/198)
	BA.4	26.9% (71/264)	BF.12	1.5% (3/198)
	BA.4.1	3.8% (10/264)		
	BA.4.6	0.4% (1/264)		
	BA.5.1	6.1% (16/264)		
	BA.5.2.1	22.7% (60/264)		
	XAG	0.4% (1/264)		



Cidade de São Paulo	BA.2	23.0% (65/282)	BA.2	0.9% (2/224)
	BA.2.12.1	2.1% (6/282)	BA.2.12.1	0.9% (2/224)
	BA.2.13	0.4% (1/282)	BA.2.3	0.4% (1/224)
	BA.2.3	1.4% (4/282)	BA.2.47	0.4% (1/224)
	BA.2.36	0.4% (1/282)	BA.2.9.3	0.9% (2/224)
	BA.2.47	0.4% (1/282)	BA.4	38.4% (86/224)
	BA.2.48	0.4% (1/282)	BA.4.1	2.2% (5/224)
	BA.2.56	2.8% (8/282)	BA.5	1.3% (3/224)
	BA.2.81	1.8% (5/282)	BA.5.1	15.6% (35/224)
	BA.2.9	2.1% (6/282)	BA.5.1.2	0.4% (1/224)
	BA.2.9.3	1.8% (5/282)	BA.5.2	0.4% (1/224)
	BA.4	37.2% (105/282)	BA.5.2.1	35.7% (80/224)
	BA.4.1	2.1% (6/282)	BA.5.5	0.4% (1/224)
	BA.5.1	8.5% (24/282)	BA.5.6	1.8% (4/224)
	BA.5.2.1	13.5% (38/282)		
	BG.2	1.1% (3/282)		
	XAG	1.1% (3/282)		



Cidade Rio de Janeiro	BA.2	9.1% (21/230)	BA.2	1.4% (2/139)
	BA.2.12.1	1.7% (4/230)	BA.2.12.1	0.7% (1/139)
	BA.2.23	0.9% (2/230)	BA.4	5.0% (7/139)
	BA.2.3	0.4% (1/230)	BA.4.1	1.4% (2/139)
	BA.2.3.2	0.4% (1/230)	BA.5.1	8.6% (12/139)
	BA.2.36	0.4% (1/230)	BA.5.1.2	0.7% (1/139)
	BA.2.56	1.3% (3/230)	BA.5.2.1	79.9% (111/139)
	BA.2.81	0.4% (1/230)	BA.5.3.1	0.7% (1/139)
	BA.2.9	1.3% (3/230)	BF.12	0.7% (1/139)
	BA.2.9.3	1.3% (3/230)	BF.6	0.7% (1/139)
	BA.4	0.4% (1/230)		
	BA.4.1	1.3% (3/230)		
	BA.5	1.3% (3/230)		



Região Sul	BA.2	35.7% (97/272)	BA.2	6.5% (17/260)
	BA.2.12.1	4.4% (12/272)	BA.2.12.1	1.1% (3/260)
	BA.2.23	14.3% (39/272)	BA.2.23	1.9% (5/260)
	BA.2.3	1.1% (3/272)	BA.2.56	6.1% (16/260)
	BA.2.37	0.4% (1/272)	BA.2.81	0.4% (1/260)
	BA.2.56	14.3% (39/272)	BA.2.9	0.4% (1/260)
	BA.2.9	1.1% (3/272)	BA.4	8.5% (22/260)
	BA.4	2.9% (8/272)	BA.4.1	2.3% (6/260)
	BA.4.1	0.4% (1/272)	BA.4.6	0.8% (2/260)
	BA.5.1	35.7% (22/272)	BA.5	0.8% (2/260)
	BA.5.2	0.4% (1/272)	BA.5.1	18.1% (47/260)
	BA.5.2.1	15.1% (41/272)	BA.5.2	2.3% (6/260)
	BF.5	0.4% (1)	BA.5.2.1	48.8% (127/260)
	XAG	1.5% (4/272)	BF.12	1.9% (5/260)

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



Na primeira quinzena de Setembro de 2022, observa-se a detecção da linhagem BA.2.75.5 numa amostra proveniente da cidade do Rio de Janeiro e de BL.1 (4 amostras da cidade de São Paulo – 2 dessas amostras são da segunda quinzena de Setembro que apresentaram amplificação do gene –S com o kit da Thermo, e por isso não constam na tabela 2, que correspondem a BA.2.75.1.1. Ainda não havia sido detectada qualquer amostra correspondente a essas linhagens no Brasil, e, na América do Sul, muito poucas, sendo até o dia 04/11/22 haviam disponíveis no banco de dados GISAID cerca de 884 genomas completos de BL.1, onde apenas 7 são da América do Sul (6 Chile e 1 Peru). Sobre a BA.2.75.5 até a mesma data, contávamos com 983 genomas completos globais e apenas 2 do Chile, representando a América do Sul.

Analisando o posicionamento das amostras do GENOV na reconstrução filogenética das amostras globais das duas linhagens (Figura 1) podemos deduzir que as amostras do Brasil possivelmente não entraram aqui diretamente do Chile ou Peru, mas sim, de países da região da Europa ou Ásia. Sobre as 4 amostras BL.1 de São Paulo, podemos sugerir que duas entradas distintas ocorreram, uma delas representada pelo agrupamento de 3 delas com alto suporte, indicando circulação já dessa linhagem no país, e a outra, mais abaixo na reconstrução, não agrupando com nenhuma amostra em particular (Figura 1). A única amostra BA.2.75.5 também não ficou próxima das duas amostras do Chile, mas de amostras da Índia, datadas de agosto desse ano.

A análise filogenética (dados não mostrados) da amostra BQ.1 detectada no Estado de São Paulo pela primeira vez, sugere que esta seja fruto de uma entrada distinta das outras duas já detectadas anteriormente no país, visto que a de SP (GENOV) agrupa com amostras da República Tcheca e da França com suporte de 94%, enquanto as outras duas amostras BQ.1 detectadas no Brasil e depositadas no GISAID agrupam com amostras dos Estados Unidos e Austrália com suporte alto (e distantes entre si).

Duas amostras BQ.1.1 também foram detectadas de acordo com a classificação do Pangolin, no entanto, no Nextclade web (v2.8.1) uma delas já apresenta classificação BQ.1.1.5. Até a presente data, apenas 15 amostras BQ.1.1 da América do Sul estão depositadas no GISAID, sendo a maioria proveniente do Chile e nenhuma no Brasil.

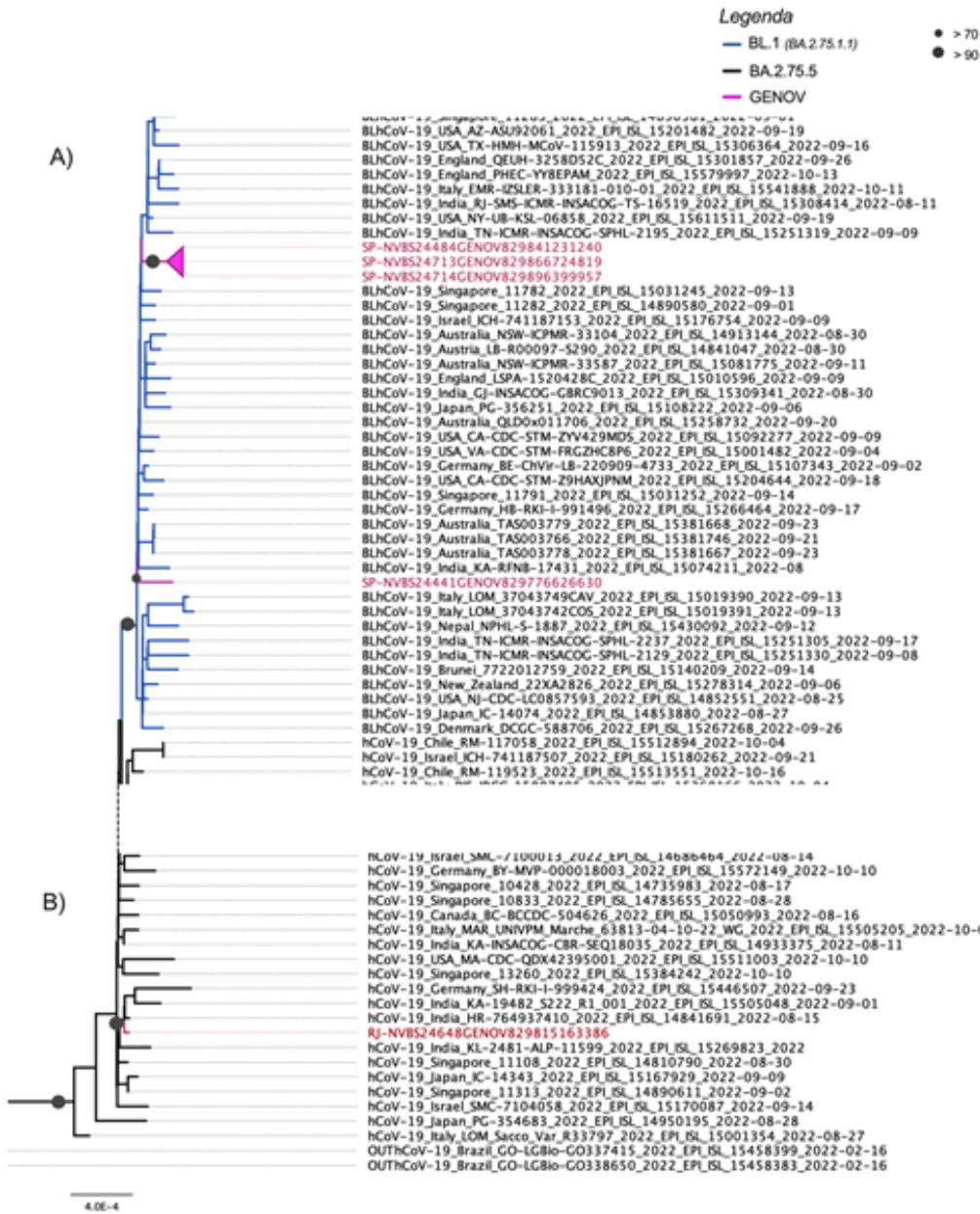


Figura 1 – Reconstrução filogenética por máxima verossimilhança de SARS-COV-2 das linhagens BA.2.75.5. e BA.2.75.1.1 (BL.1). A- amostras globais da linhagem BL.1. As amostras GENOV estão em vermelho. Nota-se agrupamento de 3 das amostras de SP, e mais abaixo, a outra amostra de SP. B- parte dos ramos da BA.2.75.15, onde a única amostra detectada no Brasil, pelo GENOV, agrupa com alto suporte com amostras da Índia. Os círculos pretos nos nós mais importantes representam valores de suporte (bootstrap) de acordo com a legenda no topo da figura.



Amostras da 2ª quinzena de Setembro/2022

Como explicado acima, três amostras da 2ª quinzena de Setembro de 2022 foram sequenciadas devido à diferenças no padrão de resultado do teste de RT-PCR (kit Thermo – S-dropout) que vinha sendo observado no período (Figura 2). Em duas amostras foi detectada a linhagem BL.1 (Figura 1) e na terceira amostra a linhagem BA.2.56.

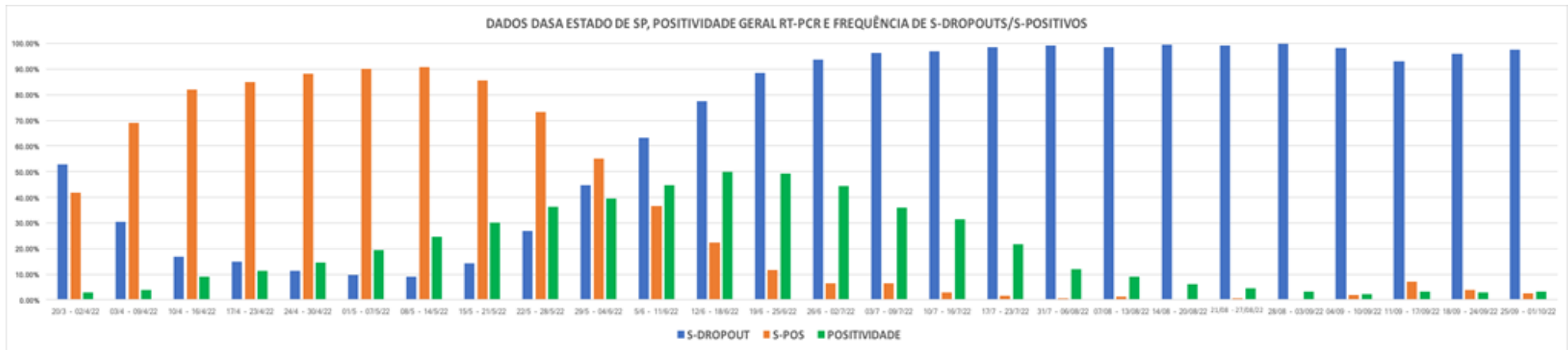


Figura 1 – Resultados RT-PCR para SARS-CoV-2 (kit Thermo) obtidos nas amostras provenientes do Estado de São Paulo destacando presença ou ausência de amplificação do gene-alvo S e positividade geral no período.



REFERÊNCIAS:

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 01-08-2022 e 15-08-2022			
Região Norte	Amazonas	N=0	
	Acre	N=0	
	Amapá	N=0	
	Pará	N=1	BA.5.2.1 100% (1/1)
	Rondônia	N=0	
	Roraima	N=0	
	Tocantins	N=0	



Região Nordeste	Bahia	N=49	AY.992 BA.4 BA.4.1 BA.5.1 BA.52.1	2% (1/49) 6.1% (3/49) 8.1% (4/49) 20.5% (10/49) 63.3% (31/49)
	Paraíba	N=1	BE.1	100% (1/1)
	Ceará	N=20	BA.4.6 BA.5.1 BA.5.2.1 BA.5.2.10	15% (3/20) 5% (1/20) 35% (7/20) 40% (8/20) 5% (1/20)
	Maranhão	N=0		
	Pernambuco	N= 52	BA.4 BA.4.1 BA.4.6 BA.5 BA.5.1 BA.5.2.1 BE.1	5.8% (3/52) 23.1% (12/52) 7.7% (4/52) 3.8% (2/52) 23.1% (12/52) 34.6% (18/52) 1.9% (1/52)
	Piauí	N=2	BA.5.1	100% (2/2)
	Alagoas	N=0		
	Rio Grande do Norte	N=0		
	Sergipe	N=2	BA.5.2.1	100% (1/1)



Região Centro-Oeste	Mato-Grosso	N=3	BA.5.1 BA.5.2.1	66.7% (2/3) 33.3% (1/3)
	Mato Grosso do Sul	N=13	BA.4 BA.5.1 BA.5.2 BA.5.2.1 BF.12	15.4% (2/13) 38.4% (5/13) 7.7% (1/13) 30.8% (4/13) 7.7% (1/13)
	Goiás	N=32	BA.5 BA.5.1 BA.5.2.1	3.1% (1/32) 46.9% (15/32) 50% (16/32)
	Distrito Federal	N=104	B.1.1.529 BA.4 BA.4.1 BA.4.6 BA.5 BA.5.1 BA.5.1.2 BA.5.1.7 BA.5.2 BA.5.2.1 BA.5.3 BF.8	0.9% (1/104) 1.9% (2/104) 1.9% (2/104) 3.8% (4/104) 1.9% (2/104) 53.8% (56/104) 0.9% (1/104) 0.9% (1/104) 1.9% (2/104) 29.8% (31/104) 0.9% (1/104) 0.9% (1/104)



Região Sudeste	São Paulo	N=321	BA.2.12.1 BA.4 BA.4.1 BA.4.4 BA.4.6 BA.4.7 BA.5 BA.5.1 BA.5.1.10 BA.5.1.2 BA.5.1.5 BA.5.2 BA.5.2.1 BA.5.2.10 BA.5.3.1 BA.5.5 BA.5.6 BA.5.6.2 BE.1 BE.1.1 BF.14	0.3% (1/321) 12.8% (41/321) 2.2% (7/321) 0.3% (1/321) 3.5% (11/321) 0.6% (2/321) 3.5% (11/321) 21.2% (68/321) 0.3% (1/321) 0.3% (1/321) 0.6% (2/321) 0.9% (3/321) 46.1% (148/321) 0.3% (1/321) 0.9% (3/321) 0.3% (1/321) 2.8% (9/321) 0.3% (1/321) 1.9% (6/321) 0.6% (2/321) 0.3% (1/321)
	Rio de Janeiro	N=231	BA.4 BA.4.1 BA.4.6 BA.5 BA.5.1 BA.5.1.1 BA.5.1.2 BA.5.2 BA.5.2.1 BA.5.2.10 BA.5.3.1 BA.5.5 BA.5.6.2 BE.1 BF.12	3.6% (8/231) 1.7% (4/231) 1.7% (4/231) 0.4% (1/231) 16.9% (39/231) 0.4% (1/231) 1.7% (4/231) 3.1% (7/231) 65.5% (151/231) 0.4% (1/231) 0.4% (1/231) 0.4% (1/231) 0.4% (1/231) 2.6% (6/231) 0.8% (2/231)
	Minas Gerais	N=10	BA.5.2.1 BF.1	90% (9/10) 10% (1/10)
	Espírito Santo	N=19	BA.4 BA.5.1 BA.5.2.1	5.3% (1/19) 21% (4/19) 73.7% (14/19)



Região Sul	Paraná	N= 143	BA.2 BA.2.56 BA.4 BA.4.1 BA.4.6 BA.4.7 BA.5 BA.5.1 BA.5.1.15 BA.5.2 BA.5.2.1 BA.5.2.10 BA.5.3 BE.1	0.7% (1/143) 2.8% (4/143) 9.8% (14/143) 3.5% (5/143) 1.4% (2/143) 0.7% (1/143) 2.8% (4/143) 11.2% (16/143) 0.7% (1/143) 0.7% (1/143) 62.9% (90/143) 0.7% (1/143) 0.7% (1/143) 1.4% (2/143)
	Santa Catarina	N= 32	BA.4 BA.4.6 BA.5 BA.5.1 BA.5.2.1 BE.1	3.1% (1/32) 3.1% (1/32) 3.1% (1/32) 43.8% (14/32) 43.8% (14/32) 3.1% (1/32)
	Rio Grande do Sul	N=1	BA.5.1	100% (1/1)



Data de coleta entre 01-09-2022 e 31-09-2022

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=4	BA.2 BA.4.1 BA.5.1 BA.5.2.1	25% (1/4) 25% (1/4) 25% (1/4) 25% (1/4)
	Paraíba	N=0		
	Ceará	N=0		
	Maranhão	N=0		
	Pernambuco	N=0		
	Piauí	N=1	BA.4.1	100% (1/1)
	Alagoas	N=0		
	Rio Grande do Norte	N=0		
	Sergipe	N=0		



Região Centro-Oeste	Mato Grosso	N=3	BA.5.1 BA.5.2.1	33.3% (1/3) 66.7% (2/3)
	Mato Grosso do Sul	N=2	BA.5.2.1	100% (2/2)
	Goiás	N=3	BA.4.6 BA.5.1 BA.5.2.1	33.3% (1/3) 33.3% (1/3) 33.3% (1/3)
	Distrito Federal	N=16	BA.4 BA.4.6 BA.5.1 BA.5.1.5 BA.5.2 BA.5.2.1 BA.5.2.20	6.3% (1/16) 18.7% (3/16) 31.3% (5/16) 6.3% (1/16) 6.3% (1/16) 25% (4/16) 6.3% (1/16)



Região Sudeste	São Paulo	N=142	BA.4 7.7% (11/142) BA.4.1 0.7% (1/142) BA.4.6 10.6% (15/142) BA.5.1 18.3% (26/142) BA.5.1.10 0.7% (1/142) BA.5.1.2 1.4% (2/142) BA.5.1.21 0.7% (1/142) BA.5.1.22 0.7% (1/142) BA.5.10 0.7% (1/142) BA.5.2 2.8% (4/142) BA.5.2.1 35.9% (51/142) BA.5.2.9 0.7% (1/142) BA.5.3.1 8.5% (12/142) BA.5.5 0.7% (1/142) BA.5.6 1.4% (2/142) BE.1 0.7% (1/142) BE.1.1 0.7% (1/142) BF.5 1.4% (2/142) BF.7 2.1% (3/142) BL.1 1.4% (2/142) BQ.1 0.7% (1/142) BQ1.1 1.4% (2/142)
	Rio de Janeiro	N=20	BA.2.75.5 5% (1/20) BA.4.1.8 5% (1/20) BA.4.6 5% (1/20) BA.5.1 15% (3/20) BA.5.2 5% (1/20) BA.5.2.1 65% (13/20)
	Minas Gerais	N=0	
	Espírito Santo	N=0	



Região Sul	Paraná	N= 38	BA.4.6 BA.5.1 BA.5.2 BA.5.2.1 BA.5.2.6 BE.1	5.3% (2/38) 18.4% (7/38) 2.6% (1/38) 68.4% (26/38) 2.6% (1/38) 2.6% (1/38)
	Santa Catarina	N= 44	BA.4 BA.4.1 BA.4.6 BA.5 BA.5.1 BA.5.1.2 BA.5.2.1 BA.5.6 BF.28	2.3% (1/44) 2.3% (1/44) 15.9% (7/44) 2.3% (1/44) 29.5% (13/44) 2.3% (1/44) 40.9% (18/44) 2.3% (1/44) 2.3% (1/44)
	Rio Grande do Sul	N=0		