



UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO  
CENTRO DE CIÊNCIAS DA SAÚDE  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA

**RENATA TOREZANI DA SILVA**

**FILOGENIA MOLECULAR DO VÍRUS SARS-CoV-2 NO ESTADO DO ESPÍRITO  
SANTO, BRASIL**

VITÓRIA, ES  
2022

**RENATA TOREZANI DA SILVA**

**FILOGENIA MOLECULAR DO VÍRUS SARS-CoV-2 NO ESTADO DO ESPÍRITO  
SANTO, BRASIL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia do Centro de Ciências da Saúde da Universidade Federal do Espírito Santo, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Biotecnologia.

Orientador: Prof. Dr. Teodiano Freire Bastos Filho

Coorientador: Prof. Dr. Greiciane Gaburro Paneto

VITÓRIA, ES

2022

Ficha catalográfica disponibilizada pelo Sistema Integrado de Bibliotecas - SIBI/UFES e elaborada pelo autor

---

T678f Torezani da Silva, Renata, 1990-  
Filogenia molecular do vírus SARS-CoV-2 no estado do Espírito Santo, Brasil / Renata Torezani da Silva. - 2022.  
59 f. : il.

Orientador: Teodiano Freire Bastos Filho.  
Coorientadora: Greiciane Gaburro Paneto.  
Dissertação (Mestrado em Biotecnologia) - Universidade Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências da Saúde.

1. Filogenia molecular. 2. Dinâmica epidemiológica. 3. SARS CoV-2. I. Freire Bastos Filho, Teodiano. II. Gaburro Paneto, Greiciane. III. Universidade Federal do Espírito Santo. Centro de Ciências da Saúde. IV. Título.

CDU: 61

---



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO**  
**Centro de Ciências da Saúde**  
**Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia**

Ata da 202ª sessão de Defesa da Dissertação do Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia, do Centro de Ciências da Saúde da Universidade Federal do Espírito Santo, da discente RENATA TOREZANI DA SILVA, realizada às 14:00h do dia dois de julho de dois mil e vinte e dois, no auditório do Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia. Dissertação intitulada “DINÂMICA MOLECULAR DO VÍRUS SARS-CoV-2 NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO, BRASIL”. A sessão pública foi realizada em formato híbrido, com apresentação presencial e transmissão externa por meio de videoconferência (<https://meet.jit.si/pgbiotecologiaufes>), conforme autorização da Portaria Normativa 08/2021 da PRPPG que estabelece as diretrizes básicas para a realização de defesas por meio de videoconferência em atendimento à Resolução do Conselho Universitário no 31/2021, que regulamenta a reorganização das atividades acadêmicas, administrativas e eventos no âmbito da UFES como medida de prevenção à COVID-19. O presidente da Banca, Profº Drº Teodiano Freire Bastos Filho (orientador), apresentou os demais membros da comissão examinadora constituída pelos Doutores: Prof. Dr. Greiciane Gaburro Paneto, como membro co-orientadora; Profª. Drª. Sandra Ventorin Von Zeidler, como examinadora interna; Hugo Verli, da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, como membro externo, e passou a palavra para a aluna que apresentou a sua proposta de dissertação. Terminada a apresentação, a banca reuniu-se em separado e concluiu por considerar a mestranda APROVADA na defesa de Mestrado. Eu, Teodiano Freire Bastos Filho, que presidi a Banca de qualificação, assino a presente Ata, juntamente com os demais membros e dou fé. Vitória, 02 de agosto de 2022.

Prof. Dr. Teodiano Freire Bastos Filho  
Universidade Federal do Espírito Santo – Orientador

Profª. Drª. Greiciane Gaburro Paneto  
Universidade Federal do Espírito Santo – Co-orientadora

Profª. Drª. Sandra Ventorin Von Zeidler  
Universidade Federal do Espírito Santo – membro interna

Prof. Dr. Hugo Verli  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul – Membro externo





UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO

**PROTOCOLO DE ASSINATURA**



O documento acima foi assinado digitalmente com senha eletrônica através do Protocolo Web, conforme Portaria UFES nº 1.269 de 30/08/2018, por SANDRA LUCIA VENTORIN VON ZEIDLER - SIAPE 2445904 Departamento de Patologia - DPA/CCS Em 04/09/2022 às 19:32

Para verificar as assinaturas e visualizar o documento original acesse o link:  
<https://api.lepisma.ufes.br/arquivos-assinados/554657?tipoArquivo=O>



UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO

**PROTOCOLO DE ASSINATURA**



O documento acima foi assinado digitalmente com senha eletrônica através do Protocolo Web, conforme Portaria UFES nº 1.269 de 30/08/2018, por  
TEODIANO FREIRE BASTOS FILHO - SIAPE 1231541  
Departamento de Engenharia Elétrica - DEE/CT  
Em 04/09/2022 às 20:54

Para verificar as assinaturas e visualizar o documento original acesse o link:  
<https://api.lepisma.ufes.br/arquivos-assinados/554683?tipoArquivo=O>



UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO

**PROTOCOLO DE ASSINATURA**



O documento acima foi assinado digitalmente com senha eletrônica através do Protocolo Web, conforme Portaria UFES nº 1.269 de 30/08/2018, por  
GREICIANE GABURRO PANETO - SIAPE 1811638  
Departamento de Farmácia e Nutrição - DFN/CCENS  
Em 12/09/2022 às 08:34

Para verificar as assinaturas e visualizar o documento original acesse o link:  
<https://api.lepisma.ufes.br/arquivos-assinados/557400?tipoArquivo=O>

**RENATA TOREZANI DA SILVA**

**FOLOGENIA MOLECULAR DO VÍRUS SARS-CoV-2 NO ESTADO DO ESPÍRITO  
SANTO, BRASIL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia do Centro de Ciências da Saúde da Universidade Federal do Espírito Santo, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Biotecnologia.

Apresentada em 02 de agosto de 2022.

**Prof. Dr.**

**Instituição** Universidade Federal do  
Espírito Santo

**Orientador(a)** Teodiano Freire Bastos  
Filho

**Prof. Dr.**

**Instituição** Universidade Federal do  
Espírito Santo

**Coorientador(a)** Greiciane Gaburro  
Paneto

VITÓRIA, ES

2022



## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço à minha família e familiares que sempre me apoiaram em meus estudos.

Agradeço aos meus orientadores, Teodiano e Greiciane, pelo apoio ao longo do desenvolvimento desse projeto.

Às minhas colegas Aura Marcela e Juliana pela ajuda, pelos compartilhamentos de trabalhos e colaboração nos trabalhos realizados durante esse período.

Ao Pedro Dias, por toda ajuda no momento da realização das análises e interpretação dos dados.

À Universidade Federal do Espírito Santo por ter sido tão fundamental na minha formação profissional desde a graduação, ao Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia-UFES, às agências de apoio e financiamento CAPES, CNPq e FAPES por viabilizar financeira e estruturalmente a pesquisa.

## RESUMO

Torezani, R. **Filogenia molecular do vírus SARS-CoV-2 no estado do Espírito Santo, Brasil**. 2022. 59f. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia) – Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia, UFES, Espírito Santo. Brasil

O SARS-CoV-2 (coronavírus da síndrome respiratória aguda grave 2) é uma cepa da espécie SARS-CoV. Essa espécie pertence à família *Coronaviridae* e ao gênero *Betacoronavirus*. O vírus é responsável por causar uma grave crise respiratória, a qual foi relatada pela primeira vez em dezembro de 2019, em Wuhan, na China. Essa doença ficou conhecida como Doença do Coronavírus de 2019 (COVID-19, *Coronavirus Disease 2019*). Grande parte da comunidade científica direcionou seus estudos para compreender esse novo vírus, seus efeitos, diversidade e distribuição geográfica. Embora diversos países e regiões do Brasil já tivessem realizado estudos filogenéticos para compreender melhor a dinâmica do vírus, nenhum estudo havia sido realizado no estado do Espírito Santo, Brasil. Desta forma, o presente estudo visou identificar quais linhagens circulavam no estado e quais eram suas possíveis rotas de entrada na região. Para isso, foram utilizadas sequências depositadas no banco de dados GISAID de casos positivos coletados no limite geográfico do Espírito Santo, assim como dos estados vizinhos, Rio de Janeiro (RJ), Bahia (BA) e Minas Gerais (MG). Foi possível identificar que no período de 29 de fevereiro de 2020 até o dia 19 de agosto de 2021 nove linhagens foram identificadas no estado, sendo que as linhagens B.1.1.33 e a *Gamma* foram as de maior predominância. A linhagem Delta estava em ascensão neste período do estudo, demonstrando que poderia ser a nova variante dominante no estado. Também foi possível identificar a co-circulação de mais de uma linhagem simultaneamente. A reconstrução filogenética realizada com amostras dos estados vizinhos indicou que possivelmente o vírus pode ter múltiplas entradas no estado.

**Palavras-chave:** SARS-CoV-2, COVID-19, linhagens, Espírito Santo, Brasil.

## **Molecular phylogeny of the SARS-CoV-2 virus in the state of Espírito Santo, Brazil**

### **ABSTRACT**

TOREZANI, R. Molecular phylogeny of the SARS-CoV-2 virus in the state of Espírito Santo, Brazil. 2022. 59f. Dissertation (Master in Biotechnology) - Postgraduation Biotechnological Programme, UFES, Espírito Santo. Brazil.

SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2) is a new strain of the SARS-CoV species. This species belongs to the *Coronaviridae* family and the *Betacoronavirus* genus. The virus is responsible for causing a severe respiratory crisis first reported in December 2019 in Wuhan, China. This disease became known as the coronavirus disease (COVID-19). Much of the scientific community has directed its studies to understand this new virus, its effects, diversity, and geographic distribution. Although several countries and regions in Brazil had already carried out phylogenetic studies to better understand the dynamics of the virus, no studies had been conducted in the state of Espírito Santo, Brazil. In this way, the present study aims to identify which lineages circulated in the state and what would be their possible routes of entry into the region. For this, sequences deposited in the GISAID database of positive cases collected in the geographic limit of Espírito Santo, as well as border states, Rio de Janeiro (RJ), Bahia (BA) and Minas Gerais (MG) were analysed. It was possible to identify that on the period from February 29, 2020 to August 19, 2021 nine lineages were identified in the state, with the B.1.1.33 and Gamma lineages being the most predominant. The Delta lineage was on the rise, demonstrating that it could be the new dominant variant in the state. The co-circulation of lineages was also identified in the state. The phylogenetic reconstruction performed with samples from border states indicated that possibly the virus may have multiple state entries.

Key words: SARS-CoV-2, COVID-19, lineages, Espírito Santo, Brazil

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Representação de uma árvore filogenética estimada com nucleotídeos dos genomas completos dos coronavírus.....	17
Figura 2 - Representação de um isolado de SARS-CoV-2, representante da subfamília Orthocoronavirinae obtida através de microscopia eletrônica de transmissão de coloração negativa. Em destaque (seta vermelha) a estrutura da proteína Spike. ....	18
Figura 3 - a) Esquematização da estrutura genômica do SARS-CoV-2 representando as regiões responsáveis pela produção das proteínas; b) esquematização representativa de um vírion do SARS-CoV-2 destacando as proteínas estruturais que o formam.. ....	20
Figura 4 - Esquema estrutural da proteína ACE2 humana (verde) sendo comparada com o núcleo e um motivo de ligação ao receptor (RBM) na região RBD do a) SARS-CoV-2 (lilás); b) SARS-CoV (laranja). ....	22
Figura 5 – Ciclo de replicação do SARS-CoV-2.....	23

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Linhagens VOC e VOI.....	27
-------------------------------------	----

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ACE2	Enzima conversora de angiotensina 2 (do inglês <i>Angiotensin-converting enzyme 2</i> )
APN	Receptor Aminopeptidase
COVID-19	Doença do coronavírus (do inglês <i>corona virus disease 2019</i> )
DPP4	Receptos Dipeptidil Peptidase
GISAID	<i>Global Initiative on Sharing All Influenza Data</i>
ICTV	Comitê Internacional de Taxonomia Viral (do inglês <i>International Committee on Taxonomy of Viruses</i> )
MERS-CoV	Síndrome respiratória do Oriente Médio (do inglês <i>Middle East respiratory syndrome coronavirus</i> )
NSP	Proteína não estrutural (do inglês <i>non structural protein</i> )
OMS	Organização Mundial da Saúde
ORF	Fases de leituras aberta (do inglês <i>Open Read Frame</i> )
PCR	Reação em cadeia da polimerase (do inglês <i>polymerase chain reaction</i> )
RdRP	RNA polimerase dependente de RNA (do inglês <i>RNA-dependent RNA polymerase</i> )
RNA	Ácido Ribonucléico (do inglês <i>ribonucleic acid</i> )
RT-PCR	PCR de transcrição reversa em tempo real (do inglês <i>reverse transcription polymerase chain reaction</i> )
S1	Sub-unidade 1
S2	Sub-unidade 2
SARS-CoV	Síndrome Respiratória Aguda Grave (do inglês <i>Severe acute respiratory syndrome coronavirus</i> )
SARS-CoV-2	Coronavírus da síndrome respiratória aguda grave 2 (do inglês <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus 2</i> )
ssRNA+	RNA de fita simples de sentido positivo (do inglês <i>single-stranded positive-sense RNA</i> )
VOC	Variantes de preocupação (do inglês <i>Variants of Concern</i> )
VOI	Variantes de interesse (do inglês <i>Variants of Interest</i> )

## SUMÁRIO

<b>1 REVISÃO GERAL DA LITERATURA</b> .....	16
1.1 ORIGEM E CLASSIFICAÇÃO TAXONÔMICA.....	16
1.2 GENOMA E ESTRUTURA GENOMICA.....	19
1.3 REPLICAÇÃO VIRAL.....	21
1.4 DIVERSIDADE E OCORRÊNCIA.....	23
1.5 FILOGENIA.....	29
<b>2 OBJETIVOS</b> .....	31
<b>3 MATERIAIS E MÉTODOS</b> .....	32
3.1 COLETA NO BANCO DE DADOS.....	32
3.2 IDENTIFICAÇÃO DAS LINHAGENS.....	33
3.3 RECONSTRUÇÃO FILOGENÉTICA.....	33
<b>4 CAPÍTULO 1</b> .....	34
<b>5 CONCLUSÕES</b> .....	42
<b>6 REFERÊNCIAS</b> .....	43
<b>APÊNDICE I</b> .....	49
<b>APÊNDICE II</b> .....	50

## 1 REVISÃO GERAL DA LITERATURA

### 1.1 ORIGEM E CLASSIFICAÇÃO TAXONÔMICA

No dia 12 de dezembro de 2019 foram relatados casos de uma nova doença de origem desconhecida na cidade de Wuhan, na China, configurando-se à época uma epidemia naquela região. Essa nova doença, que mais tarde foi nomeada como “Doença do Coronavírus” (COVID-19, do inglês *corona virus disease 2019*), causava febre, cefaleia, dispneia (dificuldade respiratória) e pneumonia, podendo escalar para insuficiência respiratória e ao óbito. Em seguida, descobriu-se que esses casos eram causados por contaminação viral. Com o isolamento do vírus responsável por causar tal enfermidade foi possível realizar seu sequenciamento e análises posteriores para sua identificação genômica e biológica (ZHOU et al., 2020b).

Ainda no mês de dezembro de 2019, no dia 31, a Organização Mundial da Saúde (OMS) recebeu um alerta devido ao crescente número de casos que as autoridades chinesas vinham relatando (OPAS, 2020). No dia 07 de janeiro de 2020 um novo coronavírus foi isolado por cientistas chineses. Para identificar que se tratava de um coronavírus os pesquisadores realizaram testes com reação de cadeia polimerase (PCR, do inglês *polymerase chain reaction*) para 22 patógenos, sendo 18 vírus e 4 bactérias. Um ensaio viral através de PCR de transcrição reversa em tempo real (RT-PCR, do inglês *reverse transcription polymerase chain reaction*) detectou ácido ribonucleico (RNA, do inglês *ribonucleic acid*) viral a partir da RNA polimerase dependente de RNA (RdRp, do inglês *RNA-dependent RNA polymerase*) de consenso de pan  $\beta$ -CoV (ZHU et al., 2020). O primeiro óbito relatado dessa nova doença aconteceu no dia 11 de janeiro de 2020 na China (VIROLOGICAL, 2020).

Embora a origem exata do vírus não esteja bem esclarecida ainda, após o isolamento do novo coronavírus foi possível realizar análises metagenômicas e reconstruções filogenéticas para identificar a similaridade do novo vírus com outros já descritos pela ciência. Essas análises foram realizadas utilizando o genoma completo do vírus (29.000 nucleotídeos), e identificou-se que se tratava de uma nova cepa do vírus da família *Coronaviridae* e que se agrupava com vírus do tipo SARS (SARS-like) (Figura 1) mostrando ter uma similaridade nucleotídica de 89,1% com SARS de morcego (WU et al., 2020) e uma similaridade de 79,6% com um espécime da mesma espécie já conhecida por infectar humanos, o SARS-CoV



(ZHOU et al., 2020a). Essa nova cepa de vírus foi então nomeada como SARS-CoV-2 (inicialmente também conhecida como novo coronavírus, HCoV-19 e 2019-nCoV) pelo Grupo de Estudo da família *Coronaviridae* do Comitê Internacional de Taxonomia Viral (ICTV, *International Committee on Taxonomy of Viruses*) (GORBALENYA et al., 2020).

No fim de janeiro de 2020 a OMS declara o surto do novo coronavírus como emergência de Saúde Pública Global (DUFF; NEWS, 2020) e no dia 11 de março de 2020 declara uma pandemia (CUCINOTTA; VANELLI, 2020).

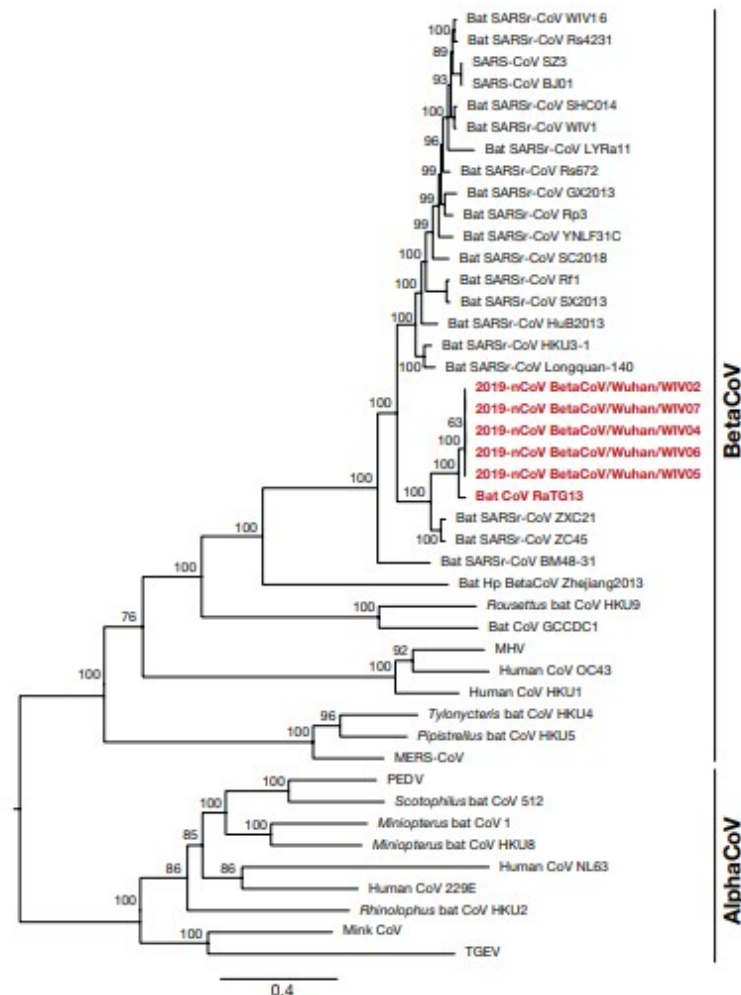


Figura 1 - Representação de uma árvore filogenética estimada com nucleotídeos dos genomas completos dos coronavírus. Fonte: (ZHOU et al., 2020b)

Essa cepa recém detectada, o SARS-CoV-2, é pertencente à família *Coronaviridae*, sendo que essa família possui três subfamílias: *Letovirinae*, *Pitovirinae* e

*Orthocoronavirinae*. A subfamília *Orthocoronavirinae* é dividida em quatro gêneros: *Alphacoronavirus*, *Betacoronavirus*, *Gammacoronavirus* e *Deltacoronavirus*, sendo o SARS-CoV-2 pertencente à essa subfamília e ao gênero *Betacoronavirus* (GORBALENYA et al., 2020).

Os organismos da família *Coronaviridae* possuem algumas características em comum, como a morfologia, proteínas estruturais, organização genômica, replicação e transcrição (CAVANAGH, 2005). Os vírus da subfamília *Orthocoronavirinae* possuem uma importante característica morfológica, que é uma estrutura que se assemelha à uma coroa (corona) presente na superfície externa do vírion (Figura 2). Ainda na década de 1930 os coronavírus foram detectados pela primeira vez em pássaros, e apenas nos anos 1960 um coronavírus foi caracterizado através da microscopia eletrônica, sendo que esse causava doença respiratória em humanos (YANG; RAO, 2021).

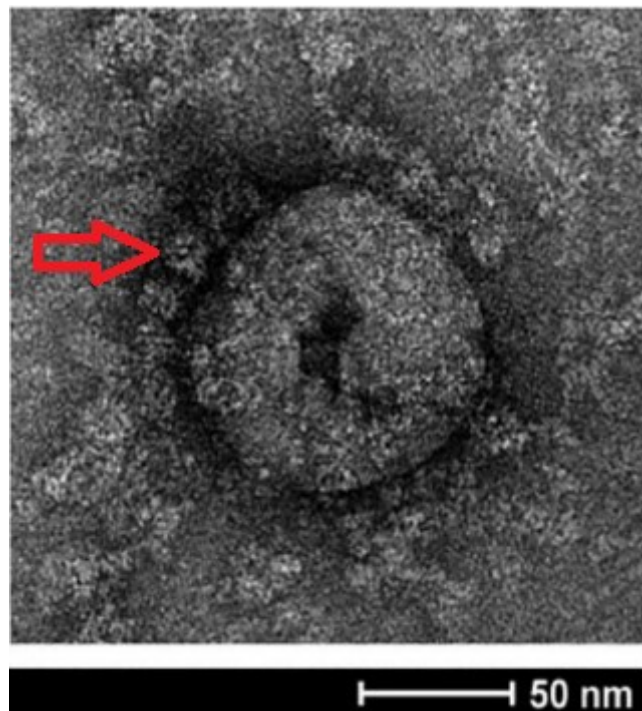


Figura 2 - Representação de um isolado de SARS-CoV-2, representante da subfamília *Orthocoronavirinae* obtida através de microscopia eletrônica de transmissão de coloração negativa. Em destaque (seta vermelha) a estrutura da proteína Spike. Fonte: imagem editada de: (ARAUJO et al., 2020)

## 1.2 GENOMA E ESTRUTURA GENOMICA

Assim como todos os Coronavírus, o SARS-CoV-2 é um vírus envelopado com aproximadamente 30.000 nucleotídeos, com um genoma de RNA de fita simples de sentido positivo (ssRNA +, do inglês *single-stranded positive-sense RNA*), e tem tipicamente um tamanho de 80-120nm diâmetro. Entretanto, já foram descritos alguns extremos de tamanho de coronavírus com 50 e 200nm de diâmetros (MASTERS, 2006). Os genomas dos vírus de RNA possuem uma alta taxa de mutação, favorecendo sua adaptabilidade em diferentes meios (DUFFY, 2018), e também são capazes de sofrer recombinação gênica, que embora não signifique que surgirão genótipos vantajosos, é uma forma de garantir variabilidade genética, mesmo que em espécie que não utiliza a reprodução sexual como estratégia de multiplicação (SIMON-LORIERE; HOLMES, 2011).

O genoma de todos os coronavírus são organizados em uma região de terminação 3' poli A, responsável por codificar as proteínas estruturais, e uma região de terminação 5' que codifica as proteínas não estruturais (nsp, do inglês *non-structural proteins*). Essas terminações 3' poli A e 5' permitem que o genoma seja capaz de atuar como mRNA (YADAV et al., 2021). A região 5' corresponde a dois terços do tamanho do genoma correspondendo a 20.000 nucleotídeos. Essa porção do genoma possui duas fases de leituras abertas (ORF, do inglês *Open Read Frames*), a ORF1a e a ORF1b para codificar as 16 proteínas não estruturais quando o RNA é traduzido dentro da célula hospedeira (Figura. 3, a) (KIM et al., 2020) (YANG; LEIBOWITZ, 2015).

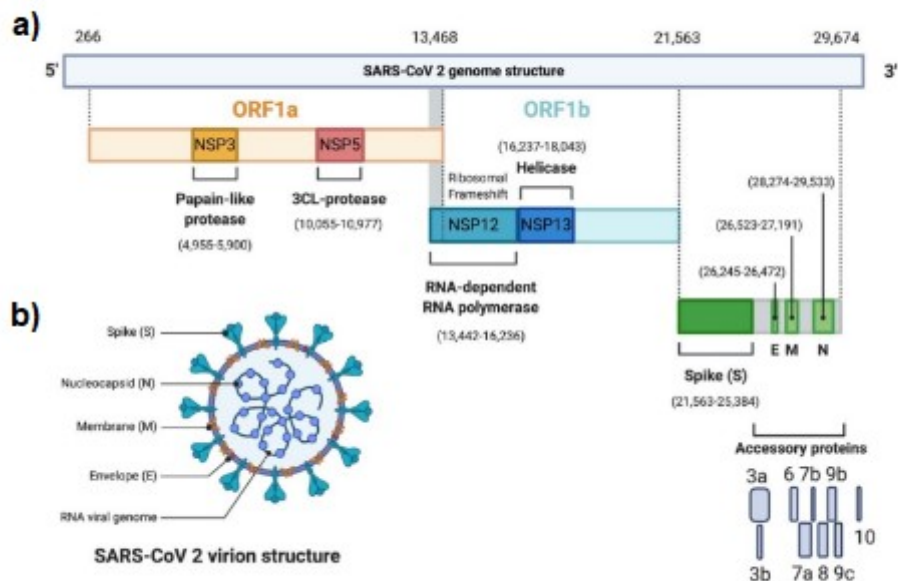


Figura 3 - a) Esquemática da estrutura genômica do SARS-CoV-2 representando as regiões responsáveis pela produção das proteínas; b) esquematização representativa de um vírion do SARS-CoV-2 destacando as proteínas estruturais que o formam. Fonte: (ALANAGREH; ALZOUHOOOL; ATOUM, 2020).

As proteínas estruturais são a Spike (S), Envelope (E), Membrana (M) e Nucleocapsídeo (N) (Figura 3, b). Essas proteínas são produzidas na porção final do genoma e estão presentes na superfície do vírus sendo responsáveis pela sua estrutura (SATARKER; NAMPOOTHIRI, 2020).

A proteína Spike é codificada pelo gene S e possui uma função essencial na infecção do vírus na célula hospedeira, atuando na interação com a célula hospedeira na proteína enzima conversora de angiotensina 2 (ACE2 *Angiotensin-converting enzyme 2*). Essa proteína possui as subunidades 1 e 2 (S1 e S2), sendo a S1 responsável pela ligação no receptor ACE2 da membrana celular e a S2 atua na fusão celular (HOFFMANN; KLEINE-WEBER; PÖHLMANN, 2020). A região das subunidades S1 e S2 é o que difere o SARS-CoV do SARS-CoV-2, pois o SARS-CoV-2 apresenta na fronteira entre essas duas subunidades uma inserção de 14 nucleotídeos (WALLS et al., 2020). A proteína E é produzida para compor a formação do envelope do coronavírus e contém um domínio hidrofóbico. A proteína

M e a proteína N atuam nos processos celulares, replicação viral e de empacotamento do vírion (YIN, 2020).

As proteínas não estruturais são codificadas na região ORF1a e ORF1b, e são referidas também como proteínas poliproteínas pp1a e pp1ab. As pp1a correspondem às nsp1 até a nsp11 e as pp1ab compreende da nsp12 até a nsp16. Algumas dessas nsp ainda tem seu papel pouco esclarecido, enquanto outras possuem seus papéis bem definidos, como por exemplo na replicação viral (YADAV et al., 2021).

Dessas 16 proteínas não estruturais, as que mais se conhecem são: nsp7 e nsp8 que juntas formam um complexo para que atuem como um cofator para a nsp12 (GORBALENYA et al., 2002); nsp12, também conhecida com RdRp, possui ação na replicação e na metilação. Juntas, essas três proteínas formam um complexo para que a nsp12 cumpra sua função de replicação ao longo do RNA (SUBISSI et al., 2014).

### 1.3 REPLICAÇÃO VIRAL

A replicação viral dos coronavírus inicia-se com a interação através de receptores entre o vírus e a célula do hospedeiro. Essa interação ocorre através da região de domínio de ligação ao receptor (RBD, do inglês *Receptor-binding Domain*) da S1 da proteína Spike presente nos coronavírus, e com receptores da célula hospedeira (PAPANIKOLAOU et al., 2022).

Essa interação entre a região RBD e o receptor da célula hospedeira pode ser mais ou menos específica, dependendo das espécies envolvidas. Alguns coronavírus interagem com o Receptor Aminopeptidase (APN); os MERS-CoV interagem com o Receptor Dipeptidil Peptidase (DPP4) enquanto os SARS-CoV e SARS-CoV-2 interagem com o receptor ACE2 (LETKO et al., 2018). Embora o SARS-CoV e SARS-CoV-2 sejam da mesma espécie, a região RBD do SARS-CoV-2 tem uma afinidade de 10 a 20 vezes maior com o receptor ACE2 quando comparado com o SARS-CoV (ANDERSEN et al., 2020). Essa diferença é notada também em estudos

estruturais quando a conformação da proteína é analisada. Uma dessas diferenças é a conformação nas alças que interage diretamente com o ACE2 humano, evidenciando que a proteína S do SARS-CoV-2 tem mais pontos de contato com a ACE2 do que o SARS-CoV (Figura 4) (SHANG et al., 2020).

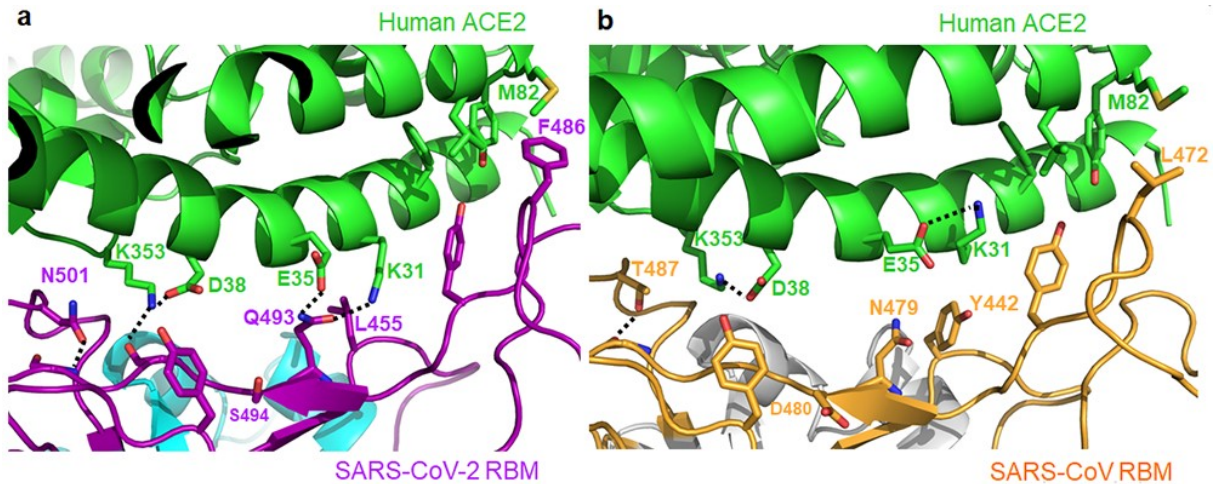


Figura 4 - Esquema estrutural da proteína ACE2 humana (verde) sendo comparada com o núcleo e um motivo de ligação ao receptor (RBM) na região RBD do a) SARS-CoV-2 (lilás); b) SARS-CoV (laranja). Fonte da imagem: (SHANG et al., 2020).

A clivagem da proteína S realizada por proteases presentes na célula hospedeira também é uma etapa fundamental para a fusão célula-hospedeiro, e essa etapa ocorre logo após a interação entre a proteína ACE2 e a proteína Spike. No caso da infecção do SARS-CoV-2, a serina protease de superfície (TMPRSS2), muito expressa no trato respiratório, cumpre essa função de clivagem (PEACOCK et al., 2021).

Após essa etapa de clivagem, ocorrerá a liberação do RNA no citoplasma da célula hospedeira que dará início à próxima etapa, que é o processo de transcrição. Os genomas virais de RNA de sentido positivo são instantaneamente transcritos pela célula do hospedeiro em processo iniciado na posição da ORF1ab gerando diferentes tipos de RNAs de sentido negativo que serão utilizadas para as etapas seguintes do processo de replicação (KUMAR et al., 2020), mostrado na figura 5.

A região ORF1ab é responsável por codificar proteínas não estruturais (YADAV et al., 2021), como por exemplo as que compõem o complexo replicação e transcrição (RTC, do inglês *replication and transcription complex*) que é composto pela nsp7,



apenas o SARS-CoV e MERS-CoV causam uma severa síndrome respiratória (CUI; LI; SHI, 2019). Apenas em 2003, depois do SARS-CoV ter emergido em 2002 na China, foi relatado o primeiro óbito causado pela síndrome respiratória. A doença causada pelo vírus SARS-CoV foi chamada de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS) e causava febre, dor de cabeça, mal estar e dores musculares (WHO, 2020).

Desde que o SARS-CoV-2 foi detectado em dezembro de 2019 em Wuhan, na China, o vírus tem se espalhado por todo o mundo. O primeiro caso de infecção registrado fora da China foi em Tailândia, anunciado no dia 13 de janeiro de 2020 pela OMS (WHO, 2020). Esse país registrou mais de 4,5 milhões de casos e mais de 30.000 óbitos até julho de 2022 (Our World in Data, 2022).

No dia 21 de fevereiro de 2020, 47 casos já haviam sido identificados na Europa, em nove países: Bélgica (1), Finlândia (1), França (12), Alemanha (16), Itália (3), Rússia (2), Espanha (2), Suécia (1) e Reino Unido (9). O primeiro caso de óbito no bloco europeu foi relatado no dia 15 de fevereiro na França (SPITERI et al., 2020).

Os países europeus que tiveram mais problemas de pandemia foram a Itália e a Espanha, sendo a Itália o primeiro país a se tornar epicentro da pandemia naquele continente. Com altas taxas de contaminações e de mortes ainda em abril de 2020, período precoce da pandemia, a Itália era o terceiro país com mais casos de infecções do mundo, enquanto a Espanha ocupava o segundo lugar (TOBIÁS, 2020). Atualmente, julho de 2022 a Itália já conta com mais de 19,1 milhões de casos de infecções em números acumulados e 168,8 mil óbitos (JHU, 2022). A Espanha possui 12,8 milhões de casos de infecção acumulados, e 108.200 mil mortes (JHU, 2022). Esse histórico de alta taxa de contaminações em países europeus refletiu diretamente no início da pandemia que ocorreu no Brasil. Os primeiros casos de contágios relatados no país são provenientes de viajantes que retornavam da Europa. O primeiro caso identificado no Brasil foi no dia 26 de fevereiro de 2020, em São Paulo, de um viajante que retornava da Itália, sendo esse o primeiro caso também da América Latina (DA S. CANDIDO et al., 2020). No estado do Espírito Santo, o primeiro caso de contaminação foi divulgado pela



Secretaria Estadual de Saúde no dia 05 de março de 2020, e se tratava de um morador da Grande Vitória, município de Vila Velha, que retornava da Itália (Governo ES, 2020). A amostra coletada desse paciente já havia sido sequenciada, e no dia 29 de fevereiro de 2020 já havia sido depositada no banco de dados global, abreviado como GISAID (*Global Initiative on Sharing All Influenza Data*).

Até o momento (julho, 2022), a COVID-19 já causou em todo o mundo 6,3 milhões de óbitos, com mais de 565 milhões de casos de infecção confirmados (JHU, 2022). No Brasil, esses números ultrapassam 33 milhões de casos confirmados e 675 mil óbitos (Our World in Data, 2022). De acordo com a Secretaria de Saúde do estado do Espírito Santo, o estado já confirmou mais de 1,180 milhões de casos, e já ocorreram mais de 14 mil óbitos (Painel Coronavírus-ES, 2022).

A alta taxa de casos confirmados no mundo somada com a alta taxa de mutação que o SARS-CoV-2 possui contribuíram para o surgimento de várias linhagens com importantes características biológicas, em diferentes regiões do mundo, requerendo atenção de organizações de saúde para medidas de mitigação e gestão da doença, como *lockdown*, leitos para pacientes em casos graves e, posteriormente, vacinação (WHO, 2022).

Atualmente existem 4 nomenclaturas vigentes utilizadas por cientistas e grupos de pesquisa para identificar e rastrear as linhagens do SARS-CoV-2, a do banco de dados GISAID (SHU; MCCAULEY, 2017), a da plataforma NextClade (AKSAMANTOV et al., 2021), a de uma ferramenta desenvolvida por cientistas britânicos chamada Pangolin (RAMBAUT et al., 2020), e a da OMS (WHO, 2022). A nomenclatura da OMS utiliza as letras do alfabeto grego para se referir as linhagens e foi criada para que houvesse uma uniformização da nomenclatura.

A OMS classifica as linhagens em 2 categorias distintas, conforme o risco para a saúde global que cada uma representa. São elas: a variante de interesse (VOI, *Variants of Interest*) e a variante preocupação (VOC, *Variants of Concern*) (WHO, 2022). As VOC são aquelas capazes de aumentar a transmissibilidade do vírus ou

alteração na apresentação clínica da doença, ou ser capaz de reduzir a eficácia de medidas preventivas de saúde pública. As VOI são aquelas que possuem alterações genéticas que são previstas ou conhecidas por afetarem as características do vírus, como transmissibilidade, gravidade da doença, escape imunológico, escape diagnóstico ou terapêutico, e que são identificados por causar transmissão comunitária significativa ou múltiplos aglomerados de COVID-19. Atualmente causam transtornos em vários países, com prevalência relativa crescente juntamente com o aumento do número de casos ao longo do tempo, ou outros impactos epidemiológicos aparentes que sugerem um risco emergente para a saúde pública global (WHO, 2022). A tabela 1 mostra as principais linhagens de interesse de saúde pública com suas respectivas nomenclaturas, data e local de detecção. Dentre elas apenas a *Alpha*, *Beta*, *Gamma*, *Delta*, *Lambda* e *Omicron* foram identificadas no Brasil e serão descritas brevemente.

Tabela 1 - Linhagens VOC e VOI.

	Variante OMS	NextClade	Pangolin	Data de detecção	País de Identificação
<b>VOC</b>	Alpha	20I	B.1.1.7	setembro/2020	Reino Unido
	Beta	20H	B.1.351	maio/2020	África do Sul
	Gamma	20J	P.1	novembro/2020	Brasil
	Delta	21A	B.1.617.2	outubro/2020	Índia
	Omicron	21K, 21L, 21M, 22A, 22B, 22C	B.1.1.529	novembro/2021	Vários países
<b>VOI</b>	Epsilon	21C	B.1.427/B.1.429	março/2020	Estados Unidos da América
	Zeta	20B/S.484K	P.2	abril/2020	Brasil
	Eta	21D	B.1.525	dezembro/2020	Vários países
	Theta	21E	P.3	janeiro/2021	Filipinas
	Iota	21F	B.1.526	novembro/2020	Estados Unidos da América
	Kappa	21B	B.1.617.1	outubro/2020	Índia
	Lambda	21G	C.37	dezembro/2020	Peru
	Um	21H	B.1.621	janeiro/2021	Colômbia

A primeira linhagem relatada foi a *Alpha* (B.1.1.7) e estima-se que ela tenha surgido em setembro de 2020 na Inglaterra. Em dezembro do mesmo ano ela foi relatada como uma VOC devido à sua maior capacidade de transmissão (GALLOWAY et al., 2021). No Brasil, essa variante foi identificada pela primeira vez em dezembro de 2020 no estado de São Paulo em dois pacientes que haviam relatado viagem ao exterior (CLARO et al., 2021).

A linhagem *Zeta* (P.2) foi identificada no Brasil, no estado do Rio de Janeiro, em abril de 2020 (VOLOCH et al., 2021). Essa linhagem foi considerada uma VOI pela OMS (WHO, 2022).

A linhagem *Beta* (B.1.351) foi detectada inicialmente na África do Sul em outubro de 2020. No Brasil a primeira detecção dessa linhagem foi no estado de São Paulo de um cidadão que não relatou histórico de viagens fora do país ou para outro estado (SLAVOV et al., 2021a).

A linhagem *Gamma* (P.1) surgiu no Brasil, no estado do Amazonas. Ela foi detectada no dia 2 de janeiro de 2020 em quatro viajantes que retornavam ao Japão. Assim que foi identificada, essa linhagem foi atribuída como uma VOC e foi responsável pela segunda onda da pandemia no estado amazonense (FUJINO et al., 2021).

Em dezembro de 2020 a linhagem *Delta* (B.1.617.2) foi detectada na Índia e foi responsável pela segunda onda da pandemia no país. Inicialmente foi considerada uma VOI, mas devido à rápida expansão que a linhagem teve em maio de 2021 ela foi classificada como VOC (GIOVANETTI et al., 2022). Essa linhagem foi bem estudada pois foi uma das primeiras a ter um elevado *fitness*, quando comparada com as detectadas até então, devido a ocorrência da mutação de um ácido aspártico (D) para uma glicina (G) que ocorreu no sítio 614, tornando-a dominante em diversos países (PLANTE et al., 2021). No Brasil essa variante foi detectada pela primeira vez no Rio de Janeiro nos dias 16 e 17 de junho de 2021 com a vigilância genômica realizada pela Fiocruz (DELTA et al., 2021).

A linhagem *Lambda* (C.37) foi detectada em agosto de 2020 no Peru. Essa linhagem foi identificada pela primeira vez no Brasil no estado do Rio Grande do Sul de uma viajante que chegava da Argentina em maio de 2021 (WINK et al., 2021).

A linhagem *Omicron* (B.1.1.529) foi identificada pela primeira vez no dia 24 novembro de 2021 na África do Sul e no dia 26 do mesmo mês foi classificada como VOC pela OMS (WHO, 2021). Atualmente (julho/2022), essa linhagem está com maior ocorrência do que a Delta (Our World in Data, 2022). Isso se deve provavelmente ao maior *fitness* que essa linhagem apresenta em organismos

vacinados quando comparado com a Delta (YUAN et al., 2022). Atualmente essa linhagem tem cinco “sublinhagens”, BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 e BA.5, que foram responsáveis pelo aumento de casos de COVID-19 devido ao escape imunológico (ZHAO et al., 2020). No Brasil, essa variante foi detectada pela primeira vez no dia 30 de novembro de 2021 em São Paulo - SP pelo Instituto Adolfo Lutz de viajantes que retornavam da África do Sul (POUDEL et al., 2022).

Essas variantes apresentam mutações que causam modificações na biologia viral capaz de melhorar o *fitness* da espécie, tornando-a mais apta de infectar e transmitir, bem como aumentar a capacidade de escape imune de vacinas, principalmente com as mutações que ocorrem na proteína Spike quando comparado com o genoma de referência (Genbank ID: NC\_045512.2) (MAJUMDAR; NIYOGI, 2021).

## 1.5 FILOGENIA

A reconstrução filogenética vem sendo muito utilizada desde o início da pandemia de SARS-CoV-2, tanto para caracterizar a primeira sequência do vírus SARS-CoV-2 com o primeiro genoma sequenciado quanto para identificar sua relação evolutiva com outros coronavírus (ZHOU et al., 2020b) e para monitorar a dispersão do vírus entre países (ZHU et al., 2021).

Assim que os primeiros casos de contaminação foram identificados na Europa, a filogenia foi fundamental para compreender a rota de entrada do vírus. Na Itália, um estudo foi realizado analisando sequências de duas amostras de turistas que haviam chegado no país na segunda quinzena de janeiro de 2020. A partir desse estudo foi possível demonstrar que os pacientes já haviam se contaminado antes de entrar no país. Esse mesmo estudo demonstrou que possivelmente o mesmo teria ocorrido com as amostras coletadas na Alemanha e da França, visto que todas essas amostras formavam um clado com amostras coletadas na China (GIOVANETTI et al., 2020).

Diversos outros países também realizaram estudos filogenéticos para compreender a relação entre as amostras de diferentes países, como feito por Zhu *et al.* 2021 (ZHU *et al.*, 2021), para compreender o padrão de distribuição das linhagens do SARS-CoV-2 em escala de tempo no leste asiático utilizando o método Bayesiano. Slavov *et al.* 2021b (SLAVOV *et al.*, 2021b) também utilizaram a filogenia para analisar a dinâmica molecular do vírus na cidade de Ribeirão Preto, estado de São Paulo, no período inicial da pandemia na região.

A filogenia também foi explorada para ajudar a compreender questões biológicas das linhagens que surgiram ao longo da pandemia. Um estudo realizado para esse fim foi realizado no norte do Brasil com a linhagem P.1, identificada no estado do Amazonas, para identificar a relação dessa nova linhagem com as que já circulavam na região e compreender a dinâmica dessas linhagens no estado (NAVECA *et al.*, 2021).

A agilidade para a realização de diversos estudos ao redor do globo foi graças ao grande esforço de sequenciamento do genoma do SARS-CoV-2 com diferentes técnicas, como o sequenciamento por nanoporos (Nanopore Oxford) (BULL *et al.*, 2020) e a grande quantidade de ferramentas de bioinformática, importante em diversas etapas do estudo científico, e para a vigilância genômica do SARS-CoV-2, como a montagem dos genomas, identificação de mutações, genotipagem das linhagens e reconstrução filogenética (HU *et al.*, 2021).

Embora diversos estudos sobre o SARS-CoV-2 tenham sido realizados a nível global, nacional e regional, incluindo o sudeste brasileiro, não existia ainda estudos sobre o vírus no estado do Espírito Santo. O presente estudo utilizou dados do banco de dados genômico GISAID para as possíveis rotas de entrada do vírus no estado do Espírito Santo com relação aos estados fronteiriços, além da frequência e co-circulação de linhagens no durante o período 29 de fevereiro de 2020 até o dia 19 de agosto de 2021.

## 2 OBJETIVOS

### 2.1 OBJETIVO GERAL

Identificar as rotas de entrada do vírus SARS-CoV-2 no estado do Espírito Santo.

### 2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Identificar as linhagens do vírus SARS-CoV-2 presentes no estado do Espírito Santo;
- Identificar as linhagens de maior predominância no estado;
- Identificar se ocorreu a circulação de mais de uma linhagem ao mesmo tempo no estado;
- Identificar as rotas de entrada do vírus no estado do Espírito Santo com a reconstrução filogenética.

### **3 MATERIAIS E MÉTODOS**

#### **3.1 COLETA NO BANCO DE DADOS**

As sequências de genoma sequência do vírus SARS-CoV-2 utilizadas para esse estudo foram obtidas no banco de dados GISAID. Para a realização da coleta os filtros “Genomas completos”, “Alta cobertura”, “Baixa cobertura excluída” foram utilizados. O genoma referência do vírus presente no GenBank (Id: NC\_045512.2) também foi utilizado.

Dois bancos de dados foram formados. O primeiro banco de dados foi criado para identificar as linhagens do vírus presente no estado e contém apenas amostras do estado do Espírito Santo com sequências coletadas entre o período de 29 de fevereiro de 2020, quando o primeiro caso foi relatado no estado, até 19 de agosto de 2021, totalizando 487 sequências, adicionado a sequência de referência.

O segundo banco de dados foi criado para realizar o estudo filogenético e contém sequências dos estados que fazem divisa com o Espírito Santo, sendo eles Minas Gerais (MG), Bahia (BA) e Rio de Janeiro (RJ). O período de coleta dos genomas de cada estado ocorreu de acordo com a data da primeira sequência depositada no banco de dados até o dia 19 de agosto de 2021, para todos os estados. Para o estado de Minas Gerais o período de coleta foi do dia 21 de maio de 2020 com um total de 627 sequências; para o estado da Bahia o período de coleta foi do dia 28 de fevereiro de 2020 com um total de 942 sequências; no Rio de Janeiro o período de coleta foi do dia 05 de março de 2020 com um total de 5.747 sequências; e para o estado do Espírito Santo o período de coleta foi do dia 29 de fevereiro de 2020 com um total de 487 sequências. Em seguida, as sequências obtidas de cada estado foram escolhidas de maneira randomizadas a fim de selecionar aproximadamente 50 sequências de cada estado. Um total de 202 sequências foram utilizadas para essa análise, sendo 49 do estado do Espírito Santo, 53 de Minas Gerais, 50 da Bahia e 50 do Rio de Janeiro.



### 3.2 IDENTIFICAÇÃO DAS LINHAGENS

Para detectar as linhagens presentes no Espírito Santo foi utilizado o banco de dados com todas as 487 sequências do estado com a amostra referência. As amostras foram submetidas ao software *Pangolin* COVID-19 (v1.2.56) (Pangolin, Centre for Genomic Pathogens Surveillance, USA).

### 3.3 RECONSTRUÇÃO FILOGENÉTICA

Para a reconstrução filogenética foi utilizado o segundo banco de dados com 202 sequências. Essas sequências foram alinhadas utilizando o software MAFFT (v.7) (Osaka University, Osaka, Japan) selecionando a estratégia automática de alinhamento do software. Depois de alinhadas, as sequências foram utilizadas para a reconstrução de duas árvores filogenéticas diferentes, uma utilizando a estratégia de verossimilhança e a outra utilizando a estratégia baseyana.

Para a reconstrução da árvore de verossimilhança, foi utilizado a plataforma IQ-TREE (v. 1.6.12) (Universidade de Viena, Viena, Áustria) com 1.500 *bootstraps*. O modelo evolutivo calculado pela plataforma foi o GTR+F+I.

Para a árvore filogenética baseyana, as sequências alinhadas pelo MAFFT foram utilizadas para calcular o modelo evolutivo através do software MrModelTest2 (v.2) (Boston, MA, EUA). O modelo evolutivo gerado foi o GTR+I+G. Em seguida, o alinhamento foi submetido à plataforma CIPRES (v.3.3) (New Orleans, LA, EUA) para gerar a árvore filogenética baseyana. Uma árvore de consenso entre a inferência Bayesiana e a inferência de máxima verossimilhança foi utilizada para representar as árvores filogenéticas.

## 4 CAPÍTULO 1

*FILOGENIA MOLECULAR DO VÍRUS SARS-CoV-2 NO ESTADO DO ESPÍRITO  
SANTO, BRASIL*

## Molecular dynamics of the COVID-19 pandemic in Espírito Santo (Brazil) and border States

Renata Torezani<sup>1</sup>, Aura Marcela Corredor Vargas<sup>1</sup>, Juliana Santa Ardisson<sup>1</sup>, Milenna Machado Pirovani<sup>2</sup>, Pedro Henrique Dias dos Santos<sup>3</sup>, Greiciane Gaburro Paneto<sup>1,2</sup>, Teodiano Freire Bastos-Filho<sup>1,4</sup>

### ABSTRACT

This study represents the first overview of the epidemiological dynamics of SARS-CoV-2 in Espírito Santo (ES) State, Brazil, filling in knowledge on this topic, observing data collected in the State, and aiming at understanding the epidemiological dynamics of the virus in ES, as well as its possible routes of transmission and dissemination. . Our results highlight that, so far, nine lineages have been identified with ES State. The B.1.1.33 lineage was the first with the highest occurrence in ES, remaining predominant until September 2020. The second predominant lineage was *Gamma*, representing 45% of the samples. The *Delta* lineage appears on the State scene, proving to be the next dominant lineage. This research allowed us to understand how the lineages advanced and were distributed in the State, which is important for future work, also making it possible to guide sanitary control measures. Data analyses were made through the GISAID database for ES State showed that the pandemic in the State has been evolving dynamically with lineage replacements over the months since the first notification.

**KEYWORDS:** SARS-CoV-2. COVID-19. Lineages. Espírito Santo. Brazil.

### INTRODUCTION

More than two years after the first notification of an outbreak of respiratory crisis caused by a new coronavirus (SARS-CoV-2 - severe acute respiratory syndrome coronavirus 2), this syndrome, which received the name coronavirus disease (COVID-19)<sup>1</sup>, has already contaminated more than 400 million people in the world, and has killed more than 5.7 million<sup>2</sup> (more than 635,000 people in Brazil)<sup>3</sup>. In Brazil, the first case of SARS-CoV-2 infection was identified in Sao Paulo State, on February 25, 2020, in a 61-year-old Brazilian man who had traveled to Lombardy, Northern Italy<sup>4</sup>.

Due to the transmission potential and aggressiveness of COVID-19, scientists have been working to obtain effective and safe vaccines at an unprecedented rate<sup>5</sup>. The effectiveness of several vaccines were reported in late December 2020, for the population to start immunization to fight the pandemic<sup>6,7</sup>.

Brazil is territorially divided into five regions (North, Northeast, Midwest, Southeast, and South), in which the disease spread rapidly, following the same epidemiological patterns reported in European countries such as Italy, Spain and the United Kingdom<sup>8</sup>. The Southeast region of Brazil covers four States: Sao Paulo - SP (41 million inhabitants), Rio de Janeiro - RJ (15 million inhabitants), Minas Gerais - MG (19 million inhabitants) and Espírito Santo - ES (3 million and 800 thousand

<sup>1</sup>Universidade Federal do Espírito Santo, Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia, Vitória, Espírito Santo, Brazil

<sup>2</sup>Universidade Federal do Espírito Santo, Departamento de Farmácia e Nutrição, Vitória, Espírito Santo, Brazil

<sup>3</sup>Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Fitopatologia, Viçosa, Minas Gerais, Brazil

<sup>4</sup>Universidade Federal do Espírito Santo, Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica, Vitória, Espírito Santo, Brazil

**Correspondence to:** Renata Torezani da Silva  
Universidade Federal do Espírito Santo, Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia, Av. Mal. Campos, 1468, Maruípe, CEP 29075-910, Vitória, ES, Brazil

**E-mail:** [renata.torezani@gmail.com](mailto:renata.torezani@gmail.com)

**Received:** 12 December 2021

**Accepted:** 21 February 2022

inhabitants). The Brazilian Southeast region has the highest population concentration in the country, being ES, the 14<sup>th</sup> State in the national ranking, with a population density of 76.25 inhabitants/km<sup>2</sup> (2010).

The metropolitan area of Vitoria, capital city of ES, is composed of seven cities (Cariacica, Fundao, Guarapari, Serra, Viana, Vila Velha and Vitoria), and has 1,276,113 inhabitants according to the IBGE - Brazilian Institute of Geography and Statistics in the 2010 Demographic Census<sup>9</sup>. The first reported case of COVID-19 in Latin America<sup>10</sup>, and most confirmed cases in Brazil (more than 27 million infections and 635,000 deaths by February 10, 2022) are from the Southeast region of the country.

In ES State, however, there is a lack of studies on the COVID-19 data collected. Understanding how lineages advance and are distributed in the State cannot only provide data for future research, but also guide health control measures. The first case was reported on March 5, 2020 by the ES Health Department (SESA)<sup>11</sup>. The epidemiological data of COVID-19 in the State registers more than 13,700 deaths, and more than 950 thousand cases of the disease<sup>11</sup>. Nevertheless, exploratory and evolutionary studies were only conducted in some States of the country, such as Minas Gerais - MG<sup>12</sup>, Rondonia - RO<sup>13</sup> and Pernambuco - PE<sup>14</sup>. Therefore, taken into account this bottleneck of reported information, this study aimed at understanding the epidemiological dynamics of the virus in ES State, as well as its possible routes of transmission and dissemination.

## MATERIALS AND METHODS

Complete and genotyped genomes of ES State residents were downloaded from the GISAID database using the “complete genome”, “high coverage”, and “low coverage excluded” filters. In addition, genomes from neighboring States were also downloaded, namely: Bahia (BA), Minas Gerais (MG) and Rio de Janeiro (RJ). Using these sequences, two databases were assembled. The first one containing only samples from ES State, dated between February 29, 2020 and August 19, 2021 (data collection period) in addition to the NCBI Reference sequence NC\_045512.2 SARS-CoV-2, which was used to conduct the analysis of lineages and mutations present in the State. The second database, used for phylogenetic analysis, was constructed using sequences from ES together with sequences from the neighboring States (RJ, MG, BA).

### Identification of lineages

The sequences from both databases were submitted

to the Pangolin COVID-19 software version v1.2.56 (Pangolin, Centre for Genomic Pathogens Surveillance, USA) to identify the lineages present in ES State<sup>15</sup>.

### Phylogenetic inference

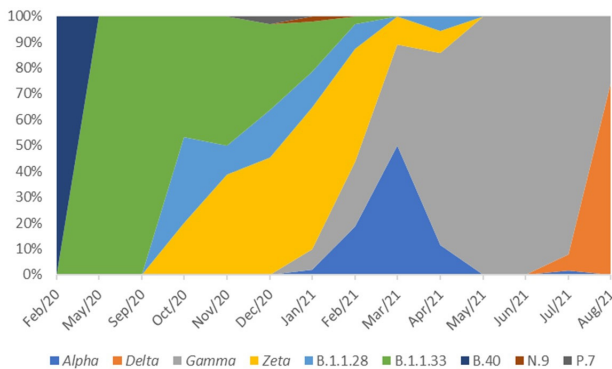
For the second database used in the phylogenetic analysis, samples from ES (n=487), MG (n=627), BA (n=942) and RJ (n=5,747) were downloaded from the database. From the total sample collected, the selection of sequences was performed randomly with the aid of a specific script prepared using the Python language software (Python Software Foundation, Wilmington, DE, EUA), resulting in the following values of “n” for each State: ES (n=49), MG (n=53), BA (n=50) and RJ (n=50), with a total of 202 samples for the construction of the phylogenetic tree. Furthermore, the software MAFFT, version 7 (Osaka University, Osaka, Japan) and the Multiple alignment program for amino acid or nucleotide sequences were used to perform the database sequence alignment. The maximum likelihood tree was calculated using the IQ-TREE platform, version 1.6.12 (University of Vienna, Vienna, Austria) with 15,000 bootstraps. The GTR+F+I evolutionary model was selected by the platform. For the Bayesian inference, the evolutionary model was calculated using the software MrModelTest2, version 2 (Boston, MA, USA). The evolutionary model generated was the GTR+I+G. Then, the sequences were submitted to the CIPRES platform, version 3.3 (New Orleans, LA, USA) to generate the phylogenetic tree. A consensus tree between the Bayesian inference and the maximum likelihood inference was used for phylogenetic analyses.

## RESULTS

The GISAID database in which the SARS-CoV-2 sequences from the genomic identification of the virus in the world are deposited, was consulted to obtain the date of collection of the first SARS-CoV-2 genome sequences from the States that belong to the Southeastern region of Brazil, considering the following dates in ascending order: Sao Paulo (2020/02/25), Espirito Santo (2020/02/29), Rio de Janeiro (2020/03/05) and Minas Gerais (2020/05/21). Thus, it determined that the first Brazilian SARS-CoV-2 sequence submissions correspond to samples from the Southeast region. In the study period, a total of 487 samples of SARS-CoV-2 genomes isolated in ES State from February 2020 to September 2021 was analyzed. As a result, the presence of nine lineages was observed in the State, according to the classification provided by the Pangolin software: B.40, B.1.1.33, B.1.1.28, Zeta (P.2), P.7, Alpha (B.1.1.7), Gamma (P.1; P.1.2; P.1.7; P.1.9 P.1.10;

P.1.11), N.9, and *Delta* (AY.13; B.1.617.2; AY.26; AY.32; AY.4; AY.5). Among the variants found in the period of this study, the most frequent were: *Gamma*, (44.5%), *Delta* (19.0%), *Zeta* (14.8%), B.1.1.33 (11.3%), B.1.1.28 (5.1%), and *Alpha* (4.5%).

The dynamics of the lineages present in ES State during the months, evaluated in the database (Figure 1) starts with the first sample collected, from a resident in Vila Velha (an ES State municipality), who had arrived from a trip to Italy. The collection of the sample from this case was carried out on February 29, 2020, and it was classified within the B.40 lineage. This lineage is related to other lineages of the “large clade B”, as is the case of lineage B.1.1.33, which was considered the first lineage with the highest occurrence in the State, remaining as the main lineage until September 2020, when the B.1.1.33 lineage became predominant. The predominance of the B.1.1.33 lineage in ES occurred until the advance in the number of cases caused by the *Zeta* variant. This variant was detected for the first time in the State in October 2020, and became the main cause of infections between December 2020 and February 2021.



**Figure 1** - Emergence of lineages in ES State over time.

In January 2021, the first sample containing the *Gamma* lineage was found in the State, and from March onward it became the main culprit in ES cases of COVID-19. However, the *Gamma* lineage ceased to predominate after the spread of the *Delta* variant.

The variant that first gave rise to the *Delta* lineage was the B.1.617.2, but AY.4, AY.5, AY.13, AY.26, AY.32 are also within the *Delta* lineage. These variants are closely related to B.1.617.2 in terms of genotype. Between July and August 2021, the period in which this lineage was identified in the State, there was a significant increase in the prevalence of the *Delta* lineage (Figure 1), which was identified in more than 73.0% of the samples tested in the month of August.

Regarding the samples available in the database for phylogenetic analysis (Figure 2), the only sample from ES

State related to lineage B.1.1.7 was collected on March 2, 2021. This sample shares a common ancestor that gave rise to the clade that also contains samples from MG and RJ States with 99.0% bootstrap support. The samples from both States were collected after the data collection period in ES State (March 2, 2021), on March 8, 2021 for MG State, and April 26, 2021 for RJ State.

In Figure 3, A highlights a close relationship between the genomes of *Delta* lineage virions collected in ES, MG and RJ States. This relationship points to the possibility that the samples collected in ES on August 19, 2021 may share a common ancestor that gave rise to the sequenced virions from MG and RJ States, bearing in mind that samples from MG and RJ were collected on August 26, 2021 and June 29, 2021, respectively. In Figure 3, B highlights the possibility that the first sample is related to the *Delta* lineage in ES State, collected on July 19, 2021 (EPI\_ISL\_3801883). This viral lineage would share a common ancestor that gave rise to the two samples from BA State, both collected on August 6, 2021, whose clade obtained a bootstrap support of less than 70.0%.

## DISCUSSION

In the present study, we corroborated that the outbreak of COVID-19 in Latin America began in Brazil, in Sao Paulo State, with the beginning of the viral spread among other States and Southern countries. The high air connectivity through the Sao Paulo-Guarulhos International Airport (the largest in Brazil), and the maritime connection through the most important ports in the country, such as the iron ore exporting port in Vitoria, the capital city of ES State, and the Brazilian largest port located in Rio de Janeiro, are important points to understand the beginning of the transmission and significant expansion of the virus from the Southeast region, where the first epidemic phase began in Brazil, to the rest of the country. However, published reports highlight the relevance of mobility between States as a key factor in the local and interregional spread of SARS-CoV-2, with the Southeast region being the main source of virus exports in the country<sup>4,10</sup>.

In this context, we analyzed some information about the circulation of SARS-CoV-2 variants in ES, as well as the phylogenetic correlation between the different variants of the virus that circulate in bordering States, making it possible to understand the viral dynamics of transmission and dissemination.

It is known that SARS-CoV-2 is a single-stranded RNA virus whose genome is very unstable, favoring the occurrence of mutations and the emergence of variants<sup>16</sup>. Given the diversity of viral strains with mutations in their

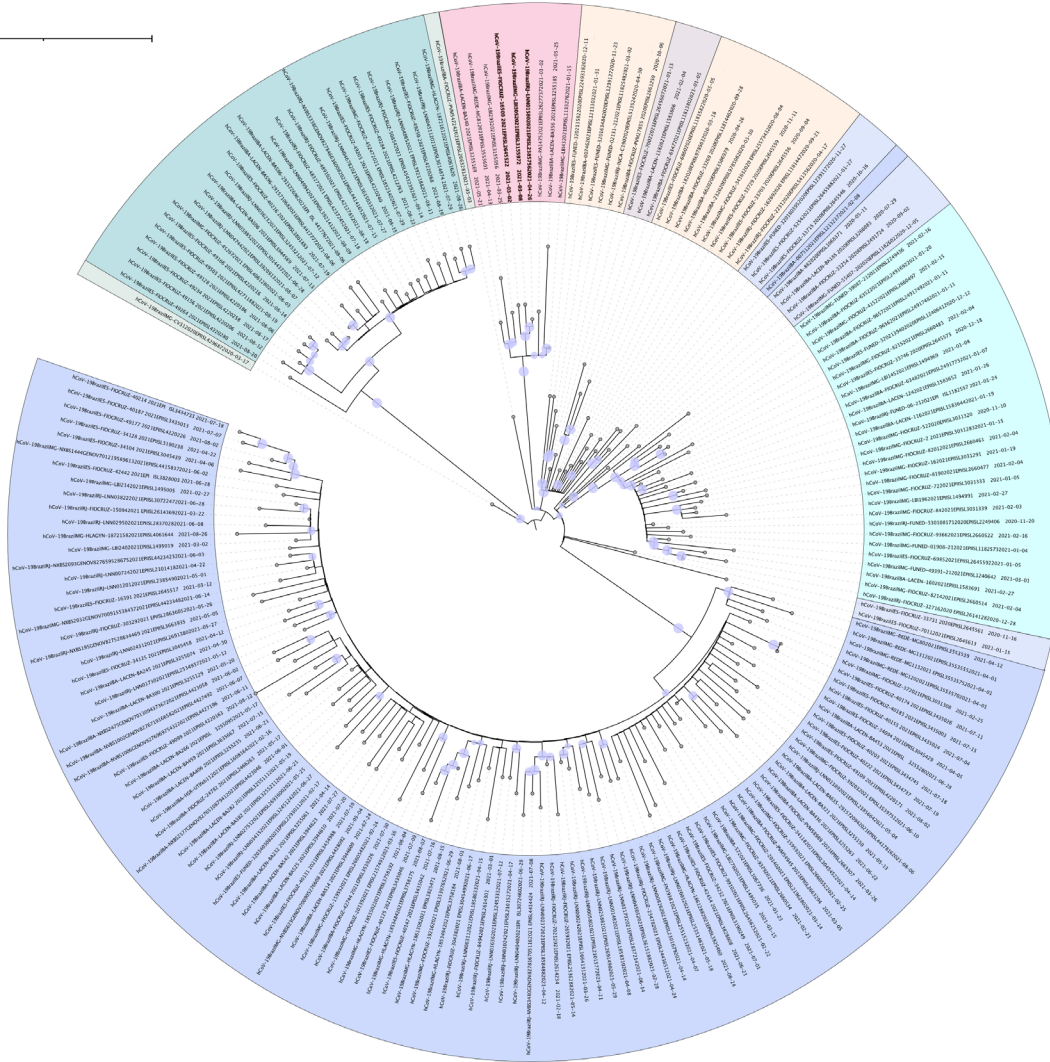
Tree scale: 0.001

Lineages

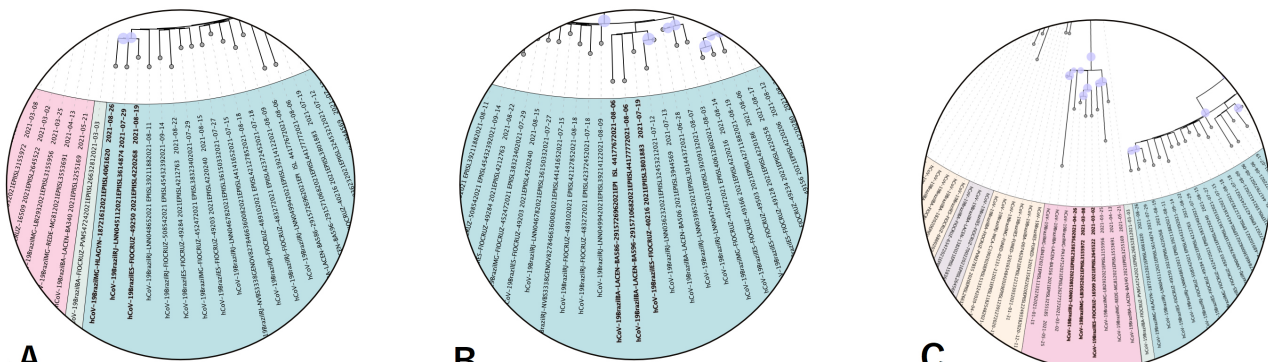
- P.1
- B.1.1.28
- P.2
- Delta
- B.1 (B.1.1)
- B.1.1.7
- N.9
- B.1.1.33

Node Confidence

- 70
- 77.5
- 85
- 92.5
- 100



**Figure 2** - Phylogenetic tree inferred by the Maximum Likelihood (ML) of 202 complete SARS-CoV-2 genomes from ES, BA, MG and RJ States.



**Figure 3** - Highlighting of interesting points on the phylogenetic tree: (A) Relationship between the genome of *Delta* lineage virions collected in ES, MG and RJ States; (B) The first sample referring to the *Delta* variant in ES State, collected on July 19, 2021 (EPI\_ISL\_3801883); (C) Single sample from ES State, lineage B.1.1.7 that make up the database.

genome, the World Health Organization (WHO) assigned a nomenclature to the SARS-CoV-2 strains that may harbor some important biological alterations. These lineages

are considered Variants of Concern (VOC) or Variants of Interest (VOI), which are identified using letters of the Greek alphabet<sup>17</sup>. During the analyzed period, in ES State,

out of the four VOCs, at least three were already present in the State, namely: *Gamma*, *Alpha*, and *Delta*.

In a Brazilian study that analyzed samples from March 2020, Franceschi *et al.*<sup>18</sup> showed that the sequenced genomes were mainly from three lineages: B.1, B.1.1.28, and B.1.1.33. Lineages B.1.1.28 and B.1.1.33 had the highest percentages in the country (n=156, 31.01%, and 26.04%, respectively). In Rio de Janeiro, a study conducted with samples collected on December 1, 2020 and May 12, 2021<sup>19</sup> identified lineages P.2 (43.44%), P.1 (36.47), B.1.1 (5.73%), B.1 (3.69%), B.1.1.28 (3.28%), P.1.2 (3.28%), B.1.1.33 (1.23%), B.1.1.7 (1.23%), P.4 (0.82%), B.1.407 (0.41%) and N.9 (0.41%). The predominant lineage in Rio de Janeiro was *Zeta*, which occurred between December 2020 and January 2021, followed by P.1, which was detected in the sixth week of 2021. In ES, during the period studied, the first lineage with the highest predominance was *Alpha*, identified for the first time on January 12, 2020, which was soon replaced by B.1.1.33, detected in the State on May 5, 2020.

The period during which our study was carried out captured the epidemiological profile and allowed us to correlate these data with the genetic profile of the SARS-CoV-2 population during the first three epidemic waves in ES, which occurred between June 2020 and August 2021<sup>11</sup>.

The temporal analysis of the genetic frequencies of the SARS-CoV-2 epidemic population in ES demonstrated the predominance of B.1.1.33 lineage between May and November 2020, coinciding with the first wave of SARS-CoV-2, which occurred between June and July of the same year. The second epidemic wave in ES occurred between late November 2020 and early January 2021, coinciding with the cocirculation of the *Zeta* and B.1.1.28 lineages. During January 2021, there was a decline in the number of cases, however, in the period between March and April 2021, the third and most intense epidemic wave of the period analyzed in the present study was observed.

This third wave coincided with the initial detection of *Alpha* and *Gamma* variants, responsible for more than 49% of the samples from ES State analyzed in the period. A further increase in the number of SARS-CoV-2 cases, but with a lower intensity, occurred in September 2021, after the detection of the *Delta* variant circulation. These observations showed a scenario of great complexity of the epidemiological dynamics of SARS-CoV-2, which was aggravated by the emergence and cocirculation of new variants in addition to the speed of changes in the genetic profile of the SARS-CoV-2 population in ES. This outcome corroborated the results that had been previously found in other locations, such as SP State, RJ State and Amazonas State (mainly in the capital city of Manaus)<sup>10,20,21</sup>.

The *Alpha* lineage in ES State was identified on January 12, 2021. It is possible to notice that the *Alpha* lineage (Figure 1) began to emerge in the State soon after its identification, with a peak in March 2021, corresponding to 50% of lineages found in the database in that period, which may reflect its transmission potential. This lineage harbors the N501Y mutation, detected for the first time in the United Kingdom on 2020/12/12, being considered the most transmissible lineage known so far<sup>22</sup>.

In ES, the *Zeta* lineage appeared for the first time in November 2020, being predominant until February 2021, according to the database. In Brazil, the *Zeta* lineage was identified for the first time in July 2020 in RJ<sup>23</sup>, and it became predominant in this State from December 2020 until January 2021. This pattern changed after the emergence of the P.1 lineage, after its first detection<sup>19</sup>. As in RJ, in ES there was cocirculation of important lineages together with the *Zeta* lineage, such as B.1.1.33, B.1.1.28, *Alpha* and *Gamma*. In the period in which the *Gamma* lineage began to circulate (January to August 2021), there was a new increase in the number of deaths recorded in ES State, with a total of 1,249 deaths in March, and a peak of 2,081 deaths<sup>11</sup>. Within this lineage, the *Gamma* variant associated with the N501Y.V3 mutation was reported for the first time in Japan, in four Japanese travelers from the city of Manaus (Amazonas State) on January 2, 2020<sup>24</sup>. The *Gamma* variant, when compared to the ancestor (B.1.1.28), has 17 non-synonymous mutations, 10 out of which are found in the spike protein, being the most important N501Y, K417T and E484K<sup>25</sup>. The *Gamma* variant was detected in a large percentage of samples from Amazonas in December 2020, what can be considered a possible cause of the worsening of the health situation in that. In January 2021, this lineage was already accounting for the majority of samples sequenced from that State<sup>26</sup>.

Regarding a published report<sup>27</sup> in which the transmission of the *Delta* lineage has been detected in almost every country in the world, including Brazil in July 2021, this lineage circulation in ES State was identified a month later when there was an increase in the number of sequences identified in August 2021. After the decline in the number of cases of the third wave of contagions, there was a new increase in September 2021 due to the circulation of the *Delta* variant, according to data provided by the COVID-19 panel<sup>11</sup>, although much lighter than the previous ones. Thus, in August 2021, ES reached the lowest number of infected people since the first wave to date<sup>11</sup>. Thus, we were able to observe the positive action of vaccination in the State, due to the fact that in the months of June and August 2021 around 52 to 66% of the population of ES had at least received one dose of the vaccine. It is also known that infection by the

*Delta* lineage is associated with an increase in both, the viral load in the infected subject and the time of viral elimination from the body, causing an increase in the transmissibility of the virus<sup>28</sup>. In addition, recent studies have suggested that the *Delta* lineage is 40 to 60% more contagious than the *Alpha*<sup>29</sup> variant, justifying a change in the behavior of the virus in comparison with the previous variants and the one used as a reference.

Vaccination against COVID-19 in Brazil started in January 2021<sup>30</sup>. In September 2021, 71% of the population had received one dose of the vaccine, whereas 43% had received two doses. The rate of vaccination in ES in the same period was slightly higher than in other Brazilian States, with 74,4% and 45,7% of the population vaccinated with one and two doses, respectively<sup>11,30</sup>. The effectiveness of immunization was supported by the reduction in the positivity rates of tests performed after the beginning of the vaccination campaign. In ES, in January 2021, from the total RT-PCRs carried out, about 50% had a positive result and with the advancement of immunization and infection control measures, the positivity rate regressed over the months, reaching less than 12% in July 2021. However, in September 2021, this rate reached 21%, which may be related to the advance of the infection caused by the *Delta* variant, which showed a great potential for dissemination<sup>11,30</sup>.

According to the phylogenetic analysis conducted in this study, it was possible to notice some relationships of the first samples collected among the States, suggesting a possible relationship of the origin of infections between the analyzed States, indicating possible influences of the entry of the virus in a previously unknown State (Figure 3). Finally, regarding the data analyses obtained in this study, we can infer that the *Delta* variant arrived first in RJ State, followed by BA, ES and MG, respectively.

This study has also shown that during the initial phase of the pandemic in Southeastern Brazil, the first SARS-CoV-2 sequence from ES (EPI\_ISL\_1181582), collected on May 5, 2020 and analyzed by the phylogenetic tree, corresponded to the lineage B.1.1.33, having an evolutionary relationship to the viruses sequenced in the other States. As they belong to the same 70% below supported monophyletic clade, we claim that the possible origin of that lineage in ES was introduced from a borderline State, since at that time the other States had already identified this lineage. However, globally, it was the first lineage with the greatest spread. In fact, a previous study<sup>31</sup> estimated that B.1.1.33 is a widespread associated lineage to community transmission among Brazilian States.

In addition, the analysis of the phylogenetic tree of 202 SARS-CoV-2 sequences allowed to show a close evolutionary relationship between the viruses from different

States (ES, MG, RJ, BA), which were grouped within the same clade. Moreover, they have a tendency to form monophyletic groups as they belong to the same lineage.

## CONCLUSION

Due to the limitations found for the sequencing of cases identified in ES, the analysis of data made available through the GISAID database for the State showed that the pandemic in ES has been evolving dynamically with lineage replacements over the months since the first notification. Thus, this study showed that the lineage *Delta* began to predominate the ES scenario after two events of great predominance caused by two other strains: B.1.1.33 and *Gamma*. Therefore, we claim that our study represents the first overview of the epidemiological dynamics of SARS-CoV-2 in ES State.

## AUTHORS' CONTRIBUTIONS

STR, CVAM, ASJ, and DSHP performed the software analysis and performed data interpretation. STR, CVAM, ASJ, PMM, PGG, FBFT and DSHP performed the literature search, collected the data and wrote the manuscript, and made edits. PGG, FBFT and DSHP critically revised the manuscript for intellectual content and wrote the manuscript. All authors reviewed and approved the manuscript.

## CONFLICT OF INTERESTS

The authors declare that the research was carried out without any conflict of interests.

## FUNDING

The authors are thankful to the Brazilian agencies CAPES, CNPq and FAPES-ES.

## REFERENCES

1. World Health Organization. WHO Director-General's remarks at the media briefing on 2019-nCoV on 11 February 2020. [cited 2022 Feb 21]. Available from: <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020>
2. Johns Hopkins University & Medicine. Coronavirus Resource Center. COVID-19 dashboard. [cited 2022 Feb 21]. Available from: <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>
3. Brasil. Ministério da Saúde. Coronavírus Brasil: painel Coronavírus. [cited 2022 Feb 21]. Available from: <https://covid.saude.gov.br/>



4. Rodriguez-Morales AJ, Gallego V, Escalera-Antezana JP, Méndez CA, Zambrano LI, Franco-Paredes C, et al. COVID-19 in Latin America: the implications of the first confirmed case in Brazil. *Travel Med Infect Dis.* 2020;35:101613.
5. Thanh Le T, Andreadakis Z, Kumar A, Gómez Román R, Tollefsen S, Saville M, et al. The COVID-19 vaccine development landscape. *Nat Rev Drug Discov.* 2020;19:305-6.
6. Polack FP, Thomas SJ, Kitchin N, Absalon J, Gurtman A, Lockhart S, et al. Safety and efficacy of the BNT162b2 mRNA Covid-19 vaccine. *N Engl J Med.* 2020;383:2603-15.
7. Anderson EJ, Roupael NG, Widge AT, Jackson LA, Roberts PC, Makhene M, et al. Safety and immunogenicity of SARS-CoV-2 mRNA-1273 vaccine in older adults. *N Engl J Med.* 2020;383:2427-38.
8. Laxminarayan R, Wahl B, Dudala SR, Gopal K, Mohan BC, Neelima S, et al. Epidemiology and transmission dynamics of COVID-19 in two Indian states. *Science.* 2020;370:691-7.
9. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Brasil/Espírito Santo/Vitória. [cited 2022 Feb 21]. Available from: <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/es/vitoria/pesquisa/23/25207?tipo=ranking&localidade=320510>
10. Candido DS, Claro IM, Jesus JG, Souza WM, Moreira FR, Dellicour S, et al. Evolution and epidemic spread of SARS-CoV-2 in Brazil. *Science.* 2020;369:1255-60.
11. Espírito Santo. Secretaria de Saúde. Painel COVID-19: Estado do Espírito Santo. [cited 2022 Feb 21]. Available from: <https://coronavirus.es.gov.br/painel-covid-19-es>
12. Xavier J, Giovanetti M, Adelino T, Fonseca V, Costa AV, Ribeiro AA, et al. The ongoing COVID-19 epidemic in Minas Gerais, Brazil: insights from epidemiological data and SARS-CoV-2 whole genome sequencing. *Emerg Microbes Infect.* 2020;9:1824-34.
13. Botelho-Souza LF, Nogueira-Lima FS, Roca TP, Naveca FG, Santos AO, Maia AC, et al. SARS-CoV-2 genomic surveillance in Rondônia, Brazilian Western Amazon. *Sci Rep.* 2021;11:3770.
14. Paiva MH, Guedes DR, Docena C, Bezerra MF, Dezordi FZ, Machado LC, et al. Multiple introductions followed by ongoing community spread of SARS-CoV-2 at one of the largest metropolitan areas of Northeast Brazil. *Viruses.* 2020;12:1414.
15. Centre for Genomic Pathogens Surveillance. Pangolin COVID-19 lineage assigner. [cited 2022 Feb 21]. Available from: <https://pangolin.cog-uk.io/>
16. van Dorp L, Acman M, Richard D, Shaw LP, Ford EC, Ormond L, et al. Emergence of genomic diversity and recurrent mutations in SARS-CoV-2. *Infect Genet Evol.* 2020;83:104351.
17. World Health Organization. Tracking SARS-CoV-2 variants. [cited 2022 Feb 21]. Available from: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
18. Franceschi VB, Ferrareze PA, Zimerman RA, Cybis GB, Thompson CE. Mutation hotspots and spatiotemporal distribution of SARS-CoV-2 lineages in Brazil, February 2020-2021. *Virus Res.* 2021;304:198532.
19. Moreira FR, D'arc M, Mariani D, Herlinger AL, Schiffler FB, Rossi AD, et al. Epidemiological dynamics of SARS-CoV-2 VOC Gamma in Rio de Janeiro, Brazil. *Virus Evol.* 2021;7:veab087.
20. Barbosa GR, Moreira LV, Justo AF, Perosa AH, Luna LK, Chaves AP, et al. Rapid spread and high impact of the variant of concern P.1 in the largest city of Brazil. *J Infect.* 2021;83:119-45.
21. Faria NR, Mellan TA, Whittaker C, Claro IM, Candido DS, Mishra S, et al. Genomics and epidemiology of the P.1 SARS-CoV-2 lineage in Manaus, Brazil. *Science.* 2021;372:815-21.
22. PANGO Lineages. B.1.1.7: 2022-01-27. [cited 2022 Feb 21] Available from: [https://cov-lineages.org/global\\_report\\_B.1.1.7.html](https://cov-lineages.org/global_report_B.1.1.7.html)
23. Voloch CM, Francisco Jr RS, Almeida LG, Cardoso CC, Brustolini OJ, Gerber AL, et al. Genomic characterization of a novel SARS-CoV-2 lineage from Rio de Janeiro, Brazil. *J Virol.* 2021;95:e00119-21.
24. Fujino T, Nomoto H, Kutsuna S, Ujiie M, Suzuki T, Sato R, et al. Novel SARS-CoV-2 variant in travelers from Brazil to Japan. *Emerg Infect Dis.* 2021;27:1243-5.
25. Faria NR, Claro IM, Candido D, Franco LA, Andrade PA, Coletti TM, et al. Genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings. [cited 2022 Feb 21] Available from: <https://virological.org/t/genomic-characterisation-of-an-emergent-sars-cov-2-lineage-in-manaus-preliminary-findings/586>
26. Naveca FG, Nascimento V, Souza VC, Corado AL, Nascimento F, Silva G, et al. COVID-19 in Amazonas, Brazil, was driven by the persistence of endemic lineages and P.1 emergence. *Nat Med.* 2021;27:1230-8.
27. Giovanetti M, Fonseca V, Wilkinson E, Tegally H, San EJ, Althaus CL, et al. Replacement of the Gamma by the Delta variant in Brazil: impact of lineage displacement on the ongoing pandemic. *medRxiv.* 2021 in Press.
28. Liu Y, Rocklöv J. The reproductive number of the Delta variant of SARS-CoV-2 is far higher compared to the ancestral SARS-CoV-2 virus. *J Travel Med.* 2021;28:taab124.
29. Raman R, Patel KJ, Ranjan K. COVID-19: unmasking emerging SARS-CoV-2 variants, vaccines and therapeutic strategies. *Biomolecules.* 2021;11:993.
30. Brasil. Ministério da Saúde. Brasil, # pátria vacinada. [cited 2022 Feb 21]. Available from: <https://www.gov.br/saude/pt-br/vacinacao/>
31. Resende PC, Delatorre E, Graf T, Mir D, Motta FC, Appolinario LR, et al. Evolutionary dynamics and dissemination pattern of the SARS-CoV-2 lineage B.1.1.33 during the early pandemic phase in Brazil. *Front Microbiol.* 2020;11:615280.

## 5 CONCLUSÕES

Com resultados desse trabalho foi possível concluir que durante o período analisado (29 de fevereiro de 2020 até 19 de agosto de 2021), foram detectadas nove linhagens no banco de dados do estado do Espírito Santo (ES), sendo três delas consideradas VOC (*Gamma*, *Alpha* e *Delta*) e uma VOI (*Zeta*).

A primeira linhagem de maior ocorrência foi a B.1.1.33 até setembro de 2020 quando a *Zeta* começa a ser detectada no estado.

As VOCs e VOI foram as linhagens com maior prevalência *Gamma*, (44.5%), *Delta* (19.0%), *Zeta* (14.8%), B.1.1.33 (11.3%), B.1.1.28 (5.1%) e *Alpha* (4.5%).

Foi identificada a co-circulação de mais de uma variante do SARS-CoV-2 no Espírito Santo simultaneamente, assim como ocorreu em outras regiões, como Rio de Janeiro.

As análises filogenéticas demonstraram com bom suporte de *bootstrap* que amostras do estado do Espírito Santo e estados vizinhos (BA, MG e RJ) eram relacionadas evolutivamente sendo agrupados num mesmo clado, indicando que ocorreu entrada do vírus no ES através dessas rotas geográficas.

Os resultados encontrados nesse estudo ajudam a compreender melhor como foi a dinâmica do vírus do estado suprimindo uma lacuna que existia até o momento num estado que é localizado na região (sudeste), a mais populosa do Brasil.

## 6 REFERÊNCIAS

- AKSAMENOV, I. et al. Nextclade: clade assignment, mutation calling and quality control for viral genomes. **Journal of Open Source Software**, v. 6, n. 67, p. 3773, 2021.
- ALANAGREH, L.; ALZOUGHLOOL, F.; ATOUM, M. The human coronavirus disease covid-19: Its origin, characteristics, and insights into potential drugs and its mechanisms. **Pathogens**, v. 9, n. 5, 2020.
- ANDERSEN, K. G. et al. The proximal origin of SARS-CoV-2. **Nature Medicine**, p. 2–4, 2020.
- ARAUJO, D. B. et al. SARS-CoV-2 isolation from the first reported patients in Brazil and establishment of a coordinated task network. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 115, n. 12, p. 1–8, 2020.
- BULL, R. A. et al. Analytical validity of nanopore sequencing for rapid SARS-CoV-2 genome analysis. **Nature Communications**, v. 11, n. 1, p. 1–8, 2020.
- CAVANAGH, D. Coronaviridae: a review of coronaviruses and toroviruses. **Coronaviruses with Special Emphasis on First Insights Concerning SARS**, p. 1–54, 2005.
- CLARO, I. M. et al. Local transmission of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7, Brazil, December 2020. **Emerging Infectious Diseases**, v. 27, n. 3, p. 970–972, 2021.
- CUCINOTTA, D.; VANELLI, M. WHO declares COVID-19 a pandemic. **Acta Biomedica**, v. 91, n. 1, p. 157–160, 2020.
- CUI, J.; LI, F.; SHI, Z. L. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. **Nature Reviews Microbiology**, v. 17, n. 3, p. 181–192, 2019.
- DA S. CANDIDO, D. et al. Routes for COVID-19 importation in Brazil. **Journal of Travel Medicine**, v. 27, n. 3, p. 1–3, 2020.
- DELTA, S.- et al. Genomic Surveillance Tracks the First Community Outbreak of. n. July, p. 1–3, 2021.
- DUFF, E.; NEWS, I. International News Letter - April 2020. **Midwifery**, v. 83, p. 102668, 2020.
- DUFFY, S. Why are RNA virus mutation rates so damn high? **PLoS Biology**, v. 16, n. 8, p. 1–6, 2018.
- FUJINO, T. et al. Novel SARS-CoV-2 variant in travelers from Brazil to Japan. **Emerging Infectious Diseases**, v. 27, n. 4, p. 1243–1245, 2021.
- GALLOWAY, S. E. et al. Emergence of SARS-CoV-2 B.1.1.7 Lineage. **Morbidity and Mortality Weekly Report**, v. 70, n. 3, p. 95–99, 2021.

GIOVANETTI, M. et al. The first two cases of 2019-nCoV in Italy: Where they come from? **Journal of Medical Virology**, v. 92, n. 5, p. 518–521, 2020.

GIOVANETTI, M. et al. Replacement of the Gamma by the Delta variant in Brazil: Impact of lineage displacement on the ongoing pandemic. **Virus Evolution**, v. 8, n. 1, p. 1–6, 2022.

GORBALENYA, A. E. et al. The palm subdomain-based active site is internally permuted in viral RNA-dependent RNA polymerases of an ancient lineage. **Journal of Molecular Biology**, v. 324, n. 1, p. 47–62, 2002.

GORBALENYA, A. E. et al. The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. **Nature Microbiology**, v. 5, n. 4, p. 536–544, 2020.

HISTÓRICO da pandemia de COVID-19. **OPAS - Organização Pan Americana de Saúde**, ano. Disponível em: <<https://www.paho.org/pt/covid19/historico-da-pandemia-covid-19#:~:text=Em%2031%20de%20dezembro%20de,identificada%20antes%20em%20seres%20humanos>>. Acesso em: 15 de jul. de 2022.

HOFFMANN, M.; KLEINE-WEBER, H.; PÖHLMANN, S. A Multibasic Cleavage Site in the Spike Protein of SARS-CoV-2 Is Essential for Infection of Human Lung Cells. **Molecular Cell**, v. 78, n. 4, p. 779- 784.e5, 2020.

HU, T. et al. Bioinformatics resources for SARS-CoV-2 discovery and surveillance. **Briefings in Bioinformatics**, v. 22, n. 2, p. 631–641, 2021.

KIM, D. et al. The Architecture of SARS-CoV-2 Transcriptome. **Cell**, v. 181, n. 4, p. 914- 921.e10, 2020.

KUMAR, S. et al. Morphology, Genome Organization, Replication, and Pathogenesis of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2). v. 2, p. 23–31, 2020.

KUMAR, S.; SAXENA, S. K. Structural and molecular perspectives of SARS-CoV-2. **Methods**, v. 195, n. March 2021, p. 23–28, 2021.

LETKO, M. et al. Adaptive Evolution of MERS-CoV to Species Variation in DPP4. **Cell Reports**, v. 24, n. 7, p. 1730–1737, 2018.

MAJUMDAR, P.; NIYOGI, S. SARS-CoV-2 mutations: The biological trackway towards viral fitness. **Epidemiology and Infection**, p. 0–7, 2021.

MASTERS, P. S. The Molecular Biology of Coronaviruses. **Advances in Virus Research**, v. 65, n. 06, p. 193–292, 2006.

NAVECA, F. G. et al. COVID-19 in Amazonas, Brazil, was driven by the persistence of endemic lineages and P.1 emergence. **Nature Medicine**, v. 27, n. 7, p. 1230–1238, 2021.

NOVEL 2019 coronavirus genome. **Virological**, 2020. Disponível em: <<https://virological.org/t/novel-2019-coronavirus-genome/319>>. Acesso em: 15 de jul. de 2022.

PAPANIKOLAOU, V. et al. From delta to Omicron: S1-RBD/S2 mutation/deletion equilibrium in SARS-CoV-2 defined variants. **Gene**, v. 814, n. December 2021, p. 146134, 2022.

PARKER, M. D. et al. Subgenomic RNA identification in SARS-CoV-2 genomic sequencing data. **Genome Research**, v. 31, n. 4, p. 645–658, 2021.

PEACOCK, T. P. et al. The furin cleavage site in the SARS-CoV-2 spike protein is required for transmission in ferrets. **Nature Microbiology**, v. 6, n. 7, p. 899–909, 2021.

PLANTE, J. A. et al. Spike mutation D614G alters SARS-CoV-2 fitness. **Nature**, v. 592, n. 7852, p. 116–121, 2021.

POUDEL, S. et al. Highly mutated omicron variant sparks significant concern among global experts – What is known so far? **Travel Medicine and Infectious Disease**, v. 45, 2022.

RAMBAUT, A. et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. **Nature Microbiology**, v. 5, n. 11, p. 1403–1407, 2020.

SARS-CoV-2 sequences by variant, Jun 27, 2022. Our World in Data, ano. Disponível em: <<https://ourworldindata.org/grapher/covid-variants-bar?country=~BRA>>. Acesso em: 15 de jul. de 2022.

SATARKER, S.; NAMPOOTHIRI, M. Structural Proteins in Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus-2. **Archives of Medical Research**, v. 51, n. 6, p. 482–491, 2020.

SECRETARIA da Saúde confirma primeiro caso do novo coronavírus no Espírito Santo. **Governo do Estado do Espírito Santo**, 2020. Disponível em: <<https://www.es.gov.br/Noticia/secretaria-da-saude-confirma-primeiro-caso-do-novo-coronavirus-no-espírito-santo>>. Acesso em: 15 de jul. de 2022.

SEVERE Acute Respiratory Syndrome (SARS). **World Health Organization**, 2020. Disponível em: <[https://www.who.int/health-topics/severe-acute-respiratory-syndrome#tab=tab\\_2](https://www.who.int/health-topics/severe-acute-respiratory-syndrome#tab=tab_2)>. Acesso em: 15 de jul. de 2022.

SHANG, J. et al. Structural basis of receptor recognition by SARS-CoV-2. **Nature**, v. 581, n. 7807, p. 221–224, 2020.

SHU, Y.; MCCAULEY, J. GISAID: Global initiative on sharing all influenza data – from vision to reality. **Eurosurveillance**, v. 22, n. 13, p. 2–4, 2017.

SIMON-LORIERE, E.; HOLMES, E. C. Why do RNA viruses recombine? **Nature Reviews Microbiology**, v. 9, n. 8, p. 617–626, 2011.

SLAVOV, S. N. et al. Genomic monitoring unveil the early detection of the SARS-CoV-2 B.1.351 (beta) variant (20H/501Y.V2) in Brazil. **Journal of Medical Virology**, v. 93, n. 12, p. 6782–6787, 2021a.

SLAVOV, S. N. et al. Molecular surveillance of the on-going SARS-COV-2 epidemic in Ribeirao Preto City, Brazil. **Infection, Genetics and Evolution**, v. 93, n. June, p. 2020–2022, 2021b.

SNIJDER, E. J.; DECROLY, E.; ZIEBUHR, J. **The Nonstructural Proteins Directing Coronavirus RNA Synthesis and Processing**. 1. ed. [s.l.] Elsevier Inc., 2016. v. 96

SPITERI, G. et al. First cases of coronavirus disease 2019 (COVID-19) in the WHO European Region, 24 January to 21 February 2020. **Eurosurveillance**, v. 25, n. 9, 2020.

SUBISSI, L. et al. One severe acute respiratory syndrome coronavirus protein complex integrates processive RNA polymerase and exonuclease activities. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 111, n. 37, p. E3900–E3909, 2014.

THAILAND: Coronavirus Pandemic Country Profile. **Our World in Data**, 2022. Disponível em: <<https://ourworldindata.org/coronavirus/country/thailand>>. Acesso em: 15 de jul. de 2022.

TOBÍAS, A. Evaluation of the lockdowns for the SARS-CoV-2 epidemic in Italy and Spain after one month follow up. **Science of the Total Environment**, v. 725, p. 138539, 2020.

TRACKING SARS-CoV-2 variants. **World Health Organization**, 2022. Disponível em: <<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>>. Acesso em: 15 de jul. de 2022.

VOLOCH, Carolina M. et al. Genomic characterization of a novel SARS-CoV-2 lineage from Rio de Janeiro, Brazil. **Journal of virology**, v. 95, n. 10, p. e00119-21, 2021.

WALLS, A. C. et al. Structure, Function, and Antigenicity of the SARS-CoV-2 Spike Glycoprotein. **Cell**, v. 181, n. 2, p. 281- 292.e6, 2020.

WHO statement on novel coronavirus in Thailand. **World Health Organization**, 2020. Disponível em: <<https://www.who.int/news/item/13-01-2020-who-statement-on-novel-coronavirus-in-thailand>>. Acesso em: 15 de jul. de 2022.

WINK, P. L. et al. First identification of SARS-CoV-2 Lambda (C.37) variant in Southern Brazil. **Infection Control and Hospital Epidemiology**, v. 2021, n. February, p. 1–2, 2021.

WORLD Countries Italy. **Johns Hopkins University and Medicine - Coronavirus Resource Center**, 2022. Disponível em: <<https://coronavirus.jhu.edu/region/italy>>. Acesso em: 15 de jul. de 2022.

WORLD Countries Spain. **Johns Hopkins University and Medicine - Coronavirus Resource Center**, 2022. Disponível em: <<https://coronavirus.jhu.edu/region/spain>>. Acesso em: 15 de jul. de 2022.

WU, F. et al. A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. **Nature**, v. 579, n. 7798, p. 265–269, 2020.

YADAV, R. et al. Role of Structural and Non-Structural Proteins and Therapeutic. p. 1–16, 2021.

YANG, D.; LEIBOWITZ, J. L. The structure and functions of coronavirus genomic 3' and 5' ends. **Virus Research**, v. 206, p. 120–133, 2015.

YANG, H.; RAO, Z. Structural biology of SARS-CoV-2 and implications for therapeutic development. **Nature Reviews Microbiology**, v. 19, n. 11, p. 685–700, 2021.

YIN, C. Genotyping coronavirus SARS-CoV-2: methods and implications. **Genomics**, n. March, p. 1–9, 2020.

YUAN, S. et al. Pathogenicity, transmissibility, and fitness of SARS-CoV-2 Omicron in Syrian hamsters. **Science**, v. 8939, p. 1–11, 2022.

ZHAO, Q. et al. Neutralization of the SARS-CoV-2 Omicron BA.1 and BA.2 Variants. **Journal of medical virology**, v. 69, n. 1, p. 2016–2017, 2020.

ZHOU, H. et al. A Novel Bat Coronavirus Closely Related to SARS-CoV-2 Contains Natural Insertions at the S1/S2 Cleavage Site of the Spike Protein. **Current Biology**, v. 30, n. 11, p. 2196- 2203.e3, 2020a.

ZHOU, P. et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. **Nature**, v. 579, n. 7798, p. 270–273, 2020b.

ZHU, M. et al. Molecular Phylogenesis and Spatiotemporal Spread of SARS-CoV-2 in Southeast Asia. **Frontiers in Public Health**, v. 9, n. July, p. 1–11, 2021.

ZHU, N. et al. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. **New England Journal of Medicine**, v. 382, n. 8, p. 727–733, 2020.



## APÊNDICE I

20/07/2022 11:45

Untitled0.ipynb - Colaboratory

```

1 import sys,random
2 from Bio import SeqIO
3 from Bio.Seq import Seq
4 from Bio.SeqRecord import SeqRecord
5 from Bio.Alphabet import generic_protein
6
7 # Use: python scriptname.py number_of_random_seq infile.fasta outfile.fasta
8
9 infile = sys.argv[2] #Name of the input file
10 seq = list(SeqIO.parse(infile,"fasta")) #Create a list with all the sequenc
11 print ("Input fasta file = ", infile)
12
13 totseq = len(seq) #Total number of sequences in the i
14 print ("Number of sequences in the original file = ", totseq)
15
16 randseq = int(sys.argv[1]) #Number of random sequences desired
17 print ("Number of sequences desired to walk = ", randseq)
18
19 if randseq > totseq:
20     print ("The requested number of sequences is greater that the total number of input
21     exit()
22
23 outfile = sys.argv[3] #Name of the output file
24 print ("Output fasta file = ", outfile)
25
26 outrandseq = []
27 outlist = []
28 print ("Choosing your output sequences:")
29
30 for i in range(0,totseq,randseq):
31     #choose = i + random.randint(1,randseq-1)
32     choose = i+ random.randint(1,randseq)
33     for j in range(len(outrandseq)): #Test to see if the random sequen
34         if choose == outrandseq[j]:
35             choose = random.randint(1,totseq-1) #Choose a new random sequence rec
36     outrandseq.append(choose)
37     print (choose)
38     outseq = seq[choose]
39     outlist.append(outseq) #Append seq record to output list
40
41 SeqIO.write(outlist, outfile, "fasta") #Write the output list to the outfi
42
43 exit()

```

**APÊNDICE II**  
**Autores dos sequenciamentos das amostras utilizadas no presente trabalho.**

State: Minas Gerais (MG)			
Accession ID	Originating lab	Submitting lab	Authors
EPI_ISL_1133276	Laboratório Hermes Pardini	Laboratório de Biologia Integrativa, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais	Filipe Romero Rebello Moreira, Diego Menezes Bonfim, Danielle Alves Gomes Zauli, Joice do Prado Silva, Aline Brito de Lima, Frederico Scott Varella Malta, Alessandro Clayton de Souza Ferreira, Victor Cavalcanti Pardini, Daniel Costa Queiroz, Rafael Marques de Souza, Victor Emmanuel Viana Geddes, Walyson Coelho Costa, Wagner Carlos Santos Magalhaes, Rennan Garcias Moreira, Carolina Moreira Voloch, Renan Pedra de Souza, Renato Santana Aguiar.
EPI_ISL_1182548	Fundação Ezequiel Dias (FUNED)	Coordenação Geral de Laboratórios de Saúde Pública (CGLAB/DAEVS/SVS/MS)	Vagner Fonseca, et al.
EPI_ISL_1182573	Fundação Ezequiel Dias (FUNED)	Coordenação Geral de Laboratórios de Saúde Pública (CGLAB/DAEVS/SVS/MS)	Vagner Fonseca, et al.
EPI_ISL_1182602	Fundação Ezequiel Dias (FUNED)	Coordenação Geral de Laboratórios de Saúde Pública (CGLAB/DAEVS/SVS/MS)	Vagner Fonseca, et al.
EPI_ISL_1240642	Fundação Ezequiel Dias	Coordenação Geral de Laboratórios de Saúde Pública (CGLAB)	Vagner Fonseca et al.
EPI_ISL_1494969	Laboratório de Biologia Integrativa	Laboratório de Biologia Integrativa	Filipe Romero Rebello Moreira, Diego Menezes Bonfim, Victor Emmanuel Viana Geddes, Danielle Alves Gomes Zauli, Joice do Prado Silva, Aline Brito de Lima, Frederico Scott Varella Malta, Alessandro Clayton de Souza Ferreira, Victor Cavalcanti Pardini, Daniel Costa Queiroz, Rafael Marques de Souza, Lucyene Miguita Luiz, Paula Luize Camargos Fonseca, Rennan Garcias Moreira, Nuno Rodrigues Faria, Carolina Moreira Voloch, Renan Pedra de Souza, Renato Santana Aguiar
EPI_ISL_1494991	Laboratório de Biologia Integrativa	Laboratório de Biologia Integrativa	Filipe Romero Rebello Moreira, Diego Menezes Bonfim, Victor Emmanuel Viana Geddes, Danielle Alves Gomes Zauli, Joice do Prado Silva, Aline Brito de Lima, Frederico Scott Varella Malta, Alessandro Clayton de Souza Ferreira, Victor Cavalcanti Pardini, Daniel Costa Queiroz, Rafael Marques de Souza, Lucyene Miguita Luiz, Paula Luize Camargos Fonseca, Rennan Garcias Moreira, Nuno Rodrigues Faria, Carolina Moreira Voloch, Renan Pedra de Souza, Renato Santana Aguiar
EPI_ISL_1495005	Laboratório de Biologia Integrativa	Laboratório de Biologia Integrativa	Filipe Romero Rebello Moreira, Diego Menezes Bonfim, Victor Emmanuel Viana Geddes, Danielle Alves Gomes Zauli, Joice do Prado Silva, Aline Brito de Lima, Frederico Scott Varella Malta, Alessandro Clayton de Souza Ferreira, Victor Cavalcanti Pardini, Daniel Costa Queiroz, Rafael Marques de Souza, Lucyene Miguita Luiz, Paula Luize Camargos Fonseca, Rennan Garcias Moreira, Nuno Rodrigues Faria, Carolina Moreira Voloch, Renan Pedra de Souza, Renato Santana Aguiar
EPI_ISL_1495019	Laboratório de Biologia Integrativa	Laboratório de Biologia Integrativa	Filipe Romero Rebello Moreira, Diego Menezes Bonfim, Victor Emmanuel Viana Geddes, Danielle Alves Gomes Zauli, Joice do Prado Silva, Aline Brito de Lima, Frederico Scott Varella Malta, Alessandro Clayton de Souza Ferreira, Victor Cavalcanti Pardini, Daniel Costa Queiroz, Rafael Marques de Souza, Lucyene Miguita Luiz, Paula Luize Camargos Fonseca, Rennan Garcias Moreira, Nuno Rodrigues Faria, Carolina Moreira Voloch, Renan Pedra de Souza, Renato Santana Aguiar
EPI_ISL_1495035	Laboratório de Biologia Integrativa	Laboratório de Biologia Integrativa	Filipe Romero Rebello Moreira, Diego Menezes Bonfim, Victor Emmanuel Viana Geddes, Danielle Alves Gomes Zauli, Joice do Prado Silva, Aline Brito de Lima, Frederico Scott Varella Malta, Alessandro Clayton de Souza Ferreira, Victor Cavalcanti Pardini, Daniel Costa Queiroz, Rafael Marques de Souza, Lucyene Miguita Luiz, Paula Luize Camargos Fonseca, Rennan Garcias Moreira, Nuno Rodrigues Faria, Carolina Moreira Voloch, Renan Pedra de Souza, Renato Santana Aguiar
EPI_ISL_2157491	Laboratório Central de Saúde Pública do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andre Felipe Leal Bernardes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2196280	Laboratório Central de Saúde Pública do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andre Felipe Leal Bernardes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2249436	Fundação Ezequiel Dias	Coordenação Geral de Laboratórios de Saúde Pública (CGLAB/DAEVS/SVS/MS)	Vagner Fonseca, et al.
EPI_ISL_2551523	Fundação Ezequiel Dias - FUNED	Laboratório de Virologia Clínica e Molecular	Erick Gustavo Dorlass, Karine Lima Lourenço, Rubens Daniel Miserani Magalhães, Hugo Sato, Alex Fiorini, Renata Peixoto, Helena Perez Coelho, Ana Paula Salles Fernandes, Bruna Larotonda Telezynski, Guilherme Pereira Scagion, Tatiana Ometto, Luciano Matsumiya Thomazelli, Danielle Bruna Leal Oliveira, Edison Luiz Durigon, Flavio Fonseca e Santuza Teixeira
EPI_ISL_2557343	Laboratório Central de Saúde Pública do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andre Felipe Leal Bernardes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network

EPI_ISL_2627737	Belo Horizonte center-south emergency care unit - UPA-BH	Laboratório de Virologia Clínica e Molecular	Erick Gustavo Dorlass, Karine Lima Lourenço, Rubens Daniel Miserani Magalhães, Hugo Sato, Alex Fiorini, Renata Peixoto, Helena Perez Coelho, Ana Paula Salles Fernandes, Bruna Larotonda Telezynski, Guilherme Pereira Scagion, Tatiana Ometto, Luciano Matsumiya Thomazelli, Danielle Bruna Leal Oliveira, Edison Luiz Durigon, Flavio Fonseca e Santuza Teixeira
EPI_ISL_2660461	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andre Felipe Leal Bernardes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network

EPI_ISL_2660477	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andre Felipe Leal Bernardes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2660483	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andre Felipe Leal Bernardes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2660497	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andre Felipe Leal Bernardes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_429687	Central Public Health Laboratory/Octávio Magalhães Institute (IOM) from the Ezequiel Dias Foundation (FUNED)	Instituto Octávio Magalhães / Fundação Ezequiel Dias (IOM/Funed)	Talita Adelino, Joilson Xavier, Marta Giovanetti, Vagner Fonseca, Marcos Vinícius Silva, Luiz Carlos Junior Alcantara, Marluce Aparecida Assunção Oliveira
EPI_ISL_2660514	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andre Felipe Leal Bernardes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2660522	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andre Felipe Leal Bernardes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2660534	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andre Felipe Leal Bernardes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2660548	Universidade Federal de Viçosa (UFV)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Rubens Pasa, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2660552	Universidade Federal de Viçosa (UFV)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Rubens Pasa, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_3031283	Laboratório Municipal de Biologia Molecular	Instituto René Rachou / Fiocruz Minas	Thaís Silva, Eneida Oliveira, Anna Salim, André Menezes, Rubens do Monte Neto, Gabriel Fernandes, Pedro Alves
EPI_ISL_3031291	Laboratório Municipal de Biologia Molecular	Instituto René Rachou / Fiocruz Minas	Thaís Silva, Eneida Oliveira, Anna Salim, André Menezes, Rubens do Monte Neto, Gabriel Fernandes, Pedro Alves
EPI_ISL_3031308	Laboratório Municipal de Biologia Molecular	Instituto René Rachou / Fiocruz Minas	Thaís Silva, Eneida Oliveira, Anna Salim, André Menezes, Rubens do Monte Neto, Gabriel Fernandes, Pedro Alves
EPI_ISL_3031320	Hospital das Clínicas da UFMG	Instituto René Rachou / Fiocruz Minas	Thaís Silva, Thaís Santos, Wilma Patrícia Bernardes, Núbia Fernandes, Sandra Gava, Rosiane Pereira, Anna Salim, Matheus Westin, Rubens do Monte Neto, Gabriel Fernandes, Cristina Fonseca, Pedro Alves
EPI_ISL_3031333	UPA Centro-Sul	Instituto René Rachou / Fiocruz Minas	Thaís Silva, Thaís Santos, Wilma Patrícia Bernardes, Núbia Fernandes, Sandra Gava, Rosiane Pereira, Anna Salim, Enderson Correa, Rubens do Monte Neto, Gabriel Fernandes, Cristina Fonseca, Pedro Alves
EPI_ISL_3031339	Hospital das Clínicas da UFMG	Instituto René Rachou / Fiocruz Minas	Thaís Silva, Thaís Santos, Wilma Patrícia Bernardes, Núbia Fernandes, Sandra Gava, Rosiane Pereira, Anna Salim, Matheus Westin, Rubens do Monte Neto, Gabriel Fernandes, Cristina Fonseca, Pedro Alves
EPI_ISL_3155956	Laboratório de Biologia Integrativa	Laboratório de Biologia Integrativa	Filipe Romero Rebello Moreira, Diego Menezes Bonfim, Victor Emmanuel Viana Geddes, Danielle Alves Gomes Zauli, Joice do Prado Silva, Aline Brito de Lima, Frederico Scott Varella Malta, Alessandro Clayton de Souza Ferreira, Victor Cavalcanti Pardini, Daniel Costa Queiroz, Rafael Marques de Souza, Lucyene Miguita Luiz, Paula Luize Camargos Fonseca, Rennan Garcias Moreira, Nuno Rodrigues Faria, Carolina Moreira Voloch, Renan Pedra de Souza, Renato Santana Aguiar
EPI_ISL_3155972	Laboratório de Biologia Integrativa	Laboratório de Biologia Integrativa	Filipe Romero Rebello Moreira, Diego Menezes Bonfim, Victor Emmanuel Viana Geddes, Danielle Alves Gomes Zauli, Joice do Prado Silva, Aline Brito de Lima, Frederico Scott Varella Malta, Alessandro Clayton de Souza Ferreira, Victor Cavalcanti Pardini, Daniel Costa Queiroz, Rafael Marques de Souza, Lucyene Miguita Luiz, Paula Luize Camargos Fonseca, Rennan Garcias Moreira, Nuno Rodrigues Faria, Carolina Moreira Voloch, Renan Pedra de Souza, Renato Santana Aguiar

EPI_ISL_3539751	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Rubens Pasa, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
-----------------	---	--	---

EPI_ISL_3539765	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Rubens Pasa, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_3553539	Fundação Ezequiel Dias (FUNED)	Fundação Ezequiel Dias	Felipe Iani, Talita Adelino, Joilson Xavier, Natalia Guimaraes, Glauco Carvalho, Andre Leal, Raquel da Silva Ferreira, Luiz Takao Watanabe, Elaine Cristina, de Oliveira, Marina Castilhos Souza Umaki Zardin, Gislene Garcia de Castro Lichs, Luiz Henrique Ferraz Demarchi, Cynthia Vazquez, Hegger Fritsch, Flavia Aburjaile, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara.
EPI_ISL_3553555	Fundação Ezequiel Dias (FUNED)	Fundação Ezequiel Dias	Felipe Iani, Talita Adelino, Joilson Xavier, Natalia Guimaraes, Glauco Carvalho, Andre Leal, Raquel da Silva Ferreira, Luiz Takao Watanabe, Elaine Cristina, de Oliveira, Marina Castilhos Souza Umaki Zardin, Gislene Garcia de Castro Lichs, Luiz Henrique Ferraz Demarchi, Cynthia Vazquez, Hegger Fritsch, Flavia Aburjaile, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara.
EPI_ISL_3553570	Fundação Ezequiel Dias (FUNED)	Fundação Ezequiel Dias	Felipe Iani, Talita Adelino, Joilson Xavier, Natalia Guimaraes, Glauco Carvalho, Andre Leal, Raquel da Silva Ferreira, Luiz Takao Watanabe, Elaine Cristina, de Oliveira, Marina Castilhos Souza Umaki Zardin, Gislene Garcia de Castro Lichs, Luiz Henrique Ferraz Demarchi, Cynthia Vazquez, Hegger Fritsch, Flavia Aburjaile, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara.
EPI_ISL_3553575	Fundação Ezequiel Dias (FUNED)	Fundação Ezequiel Dias	Felipe Iani, Talita Adelino, Joilson Xavier, Natalia Guimaraes, Glauco Carvalho, Andre Leal, Raquel da Silva Ferreira, Luiz Takao Watanabe, Elaine Cristina, de Oliveira, Marina Castilhos Souza Umaki Zardin, Gislene Garcia de Castro Lichs, Luiz Henrique Ferraz Demarchi, Cynthia Vazquez, Hegger Fritsch, Flavia Aburjaile, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara.
EPI_ISL_3553691	Fundação Ezequiel Dias (FUNED)	Fundação Ezequiel Dias	Felipe Iani, Talita Adelino, Joilson Xavier, Natalia Guimaraes, Glauco Carvalho, Andre Leal, Raquel da Silva Ferreira, Luiz Takao Watanabe, Elaine Cristina, de Oliveira, Marina Castilhos Souza Umaki Zardin, Gislene Garcia de Castro Lichs, Luiz Henrique Ferraz Demarchi, Cynthia Vazquez, Hegger Fritsch, Flavia Aburjaile, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara.
EPI_ISL_3758175	CHECK-UP - Medicina e Diagnóstico - Matriz	HLAGYN - Laboratorio de Imunologia de Transplantes de Goias	Fernando Antonio Vinhal dos Santos, Frederico Rodrigues Vinhal, Sabrina Sara Moreira Duarte, Lucas Carlos Gomes Pereira, Kamila Oliveira Reis De Freitas, Nubia Silva Araújo, Gladstone Rodrigues da Cunha Filho, Elaize Maria Gomes de Paula
EPI_ISL_3758184.2	CHECK-UP - Medicina e Diagnóstico - Matriz	HLAGYN - Laboratorio de Imunologia de Transplantes de Goias	Fernando Antonio Vinhal dos Santos, Frederico Rodrigues Vinhal, Sabrina Sara Moreira Duarte, Lucas Carlos Gomes Pereira, Kamila Oliveira Reis De Freitas, Nubia Silva Araújo, Gladstone Rodrigues da Cunha Filho, Elaize Maria Gomes de Paula
EPI_ISL_3758192	CHECK-UP - Medicina e Diagnóstico - Matriz	HLAGYN - Laboratorio de Imunologia de Transplantes de Goias	Fernando Antonio Vinhal dos Santos, Frederico Rodrigues Vinhal, Sabrina Sara Moreira Duarte, Lucas Carlos Gomes Pereira, Kamila Oliveira Reis De Freitas, Nubia Silva Araújo, Gladstone Rodrigues da Cunha Filho, Elaize Maria Gomes de Paula
EPI_ISL_3825460	CHECK-UP - Medicina e Diagnóstico - Matriz	HLAGYN - Laboratorio de Imunologia de Transplantes de Goias	Fernando Antonio Vinhal dos Santos, Frederico Rodrigues Vinhal, Sabrina Sara Moreira Duarte, Lucas Carlos Gomes Pereira, Kamila Oliveira Reis De Freitas, Nubia Silva Araújo, Gladstone Rodrigues da Cunha Filho, Elaize Maria Gomes de Paula
EPI_ISL_3825471	CHECK-UP - Medicina e Diagnóstico - Matriz	HLAGYN - Laboratorio de Imunologia de Transplantes de Goias	Fernando Antonio Vinhal dos Santos, Frederico Rodrigues Vinhal, Sabrina Sara Moreira Duarte, Lucas Carlos Gomes Pereira, Kamila Oliveira Reis De Freitas, Nubia Silva Araújo, Gladstone Rodrigues da Cunha Filho, Elaize Maria Gomes de Paula
EPI_ISL_3832340	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Rubens Pasa, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_4061280	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado de Minas Gerais (LACEN/MG)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Rubens Pasa, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_4061620	CHECK-UP - Medicina e Diagnóstico - Matriz	HLAGYN - Laboratorio de Imunologia de Transplantes de Goias	Fernando Antonio Vinhal dos Santos, Frederico Rodrigues Vinhal, Sabrina Sara Moreira Duarte, Lucas Carlos Gomes Pereira, Kamila Oliveira Reis De Freitas, Nubia Silva Araújo, Gladstone Rodrigues da Cunha Filho, Elaize Maria Gomes de Paula
EPI_ISL_4061644	CHECK-UP - Medicina e Diagnóstico - Matriz	HLAGYN - Laboratorio de Imunologia de Transplantes de Goias	Fernando Antonio Vinhal dos Santos, Frederico Rodrigues Vinhal, Sabrina Sara Moreira Duarte, Lucas Carlos Gomes Pereira, Kamila Oliveira Reis De Freitas, Nubia Silva Araújo, Gladstone Rodrigues da Cunha Filho, Elaize Maria Gomes de Paula

EPI_ISL_4415837	DASA	DASA	Rodrigo Guarischi, Paulo Pierry, Adriano Bonaldi, Cristina Oliveira, Bianca Cota, Angelica Hristov, Lidia Yamamoto, Rodrigo Salazar, Annelise Lopes, Jose Levi
-----------------	------	------	--

EPI_ISL_4423348	DASA	DASA	Rodrigo Guarischi, Paulo Pierry, Adriano Bonaldi, Cristina Oliveira, Bianca Cota, Angelica Hristov, Lidia Yamamoto, Rodrigo Salazar, Annelise Lopes, Jose Levi
EPI_ISL_4428092	DASA	DASA	Rodrigo Guarischi, Paulo Pierry, Adriano Bonaldi, Cristina Oliveira, Bianca Cota, Angelica Hristov, Lidia Yamamoto, Rodrigo Salazar, Annelise Lopes, Jose Levi
<b>State: Rio de Janeiro (RJ)</b>			
<b>Accession ID</b>	<b>Originating lab</b>	<b>Submitting lab</b>	<b>Authors</b>
EPI_ISL_513524	Programa de Oncovirologia, Instituto Nacional de Câncer	Programa de Oncovirologia, Instituto Nacional de Câncer	Juliana D. Siqueira, Livia R. Goes, Brunna M. Alves, Claudia Cicala, James Arthos, João P.B. Viola, Andreia C. de Melo, Marcelo A. Soares
EPI_ISL_541356	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Roxana Loayza, Cinthia Avila, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_1181447	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Renata Serrano Lopes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_1182557	Laboratório Central do Estado do Rio de Janeiro	Coordenação Geral de Laboratórios de Saúde Pública (CGLAB/DAEVS/SVS/MS)	Vagner Fonseca, et al.
EPI_ISL_1664131	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimarães, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Thais Felix Cruz, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flávio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhães de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andréa Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_1858310	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimarães, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Thais Felix Cruz, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flávio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhães de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andréa Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_1858488	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimarães, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Thais Felix Cruz, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flávio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhães de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andréa Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_1858633	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Thais Felix Cruz, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flávio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhães de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andréa Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2101418	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2101527	Unidade de apoio ao diagnóstico da COVID – UNADIG	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos

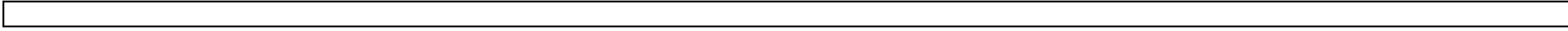


EPI_ISL_2101577	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliene Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
-----------------	---------------------------------	----------------------------------	---

EPI_ISL_2101679	Unidade de apoio ao diagnóstico da COVID – UNADIG	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2249406	Laboratório Central de Saúde Pública do Rio de Janeiro	Coordenação Geral de Laboratórios de Saúde Pública (CGLAB/DAEVS/SVS/MS)	Vagner Fonseca, et al.
EPI_ISL_2385490	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2385664	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2385756	Unidade de apoio ao diagnóstico da COVID – UNADIG	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2443651	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado do Rio de Janeiro (LACEN/RJ)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andrea Cony Cavalcanti, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2534937	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2535146	Unidade de apoio ao diagnostico da COVID - UNADIG	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2536288	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado do Rio de Janeiro (LACEN/RJ)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andrea Cony Cavalcanti, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2614128	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2614234	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2614301	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2614369	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado do Rio de Janeiro (LACEN/RJ)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andrea Cony Cavalcanti, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network

EPI_ISL_2691380	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2691490	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2691600	Unidade de apoio ao diagnostico da COVID - UNADIG	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2837028	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2837214	Unidade de apoio ao diagnostico da COVID - UNADIG	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_2863605	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Ighor Leonardo Arantes Gomes, Agatha Cristinne Prudencio, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_3014437	Unidade de apoio ao diagnostico da COVID - UNADIG	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_3045499	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Ighor Leonardo Arantes Gomes, Agatha Cristinne Prudencio, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_3072247	Unidade de apoio ao diagnostico da COVID - UNADIG	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_3072460	Unidade de apoio ao diagnostico da COVID - UNADIG	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Cassia Alves, Diana Mariani, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_3245124	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Erica Ramos dos Santos Nascimento, Fernanda Leitao dos Santos, Ricardo Jose Barbosa Salviano, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_3245321	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Erica Ramos dos Santos Nascimento, Fernanda Leitao dos Santos, Ricardo Jose Barbosa Salviano, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos

EPI_ISL_3245333	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Erica Ramos dos Santos Nascimento, Fernanda Leitao dos Santos, Ricardo Jose Barbosa Salviano, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_3614874	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Erica Ramos dos Santos Nascimento, Fernanda Leitao dos Santos, Ricardo Jose Barbosa Salviano, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_3615033	Unidade de apoio ao diagnostico da COVID - UNADIG	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Erica Ramos dos Santos Nascimento, Fernanda Leitao dos Santos, Ricardo Jose Barbosa Salviano, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_3615188	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Erica Ramos dos Santos Nascimento, Fernanda Leitao dos Santos, Ricardo Jose Barbosa Salviano, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_3663935	DASA	DASA	Rodrigo Guarischi, Paulo Pierry, Adriano Bonaldi, Cristina Oliveira, Bianca Cota, Angelica Hristov, Lidia Yamamoto, Rodrigo Salazar, Annelise Lopes, Jose Levi
EPI_ISL_3920913	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Erica Ramos dos Santos Nascimento, Fernanda Leitao dos Santos, Ricardo Jose Barbosa Salviano, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_3921188	Laboratorio Central Noel Nutels	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Erica Ramos dos Santos Nascimento, Fernanda Leitao dos Santos, Ricardo Jose Barbosa Salviano, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_3921412	Unidade de apoio ao diagnostico da COVID - UNADIG	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Luiz G P de Almeida, Alessandra P Lamarca, Ronaldo da Silva F Jr, Liliane Cavalcante, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimaraes, Douglas Terra Machado, Erica Ramos dos Santos Nascimento, Fernanda Leitao dos Santos, Ricardo Jose Barbosa Salviano, Cintia Policarpo, Gleidson da Silva de Oliveira, Mario Sergio Ribeiro, Silvia Carvalho, Flavio Dias da Silva, Marcio Henrique de Oliveira Garcia, Leandro Magalhaes de Souza, Cristiane Gomes da Silva, Caio Luiz Pereira Ribeiro, Andrea Cony Cavalcanti, Claudia Maria Braga de Mello, Amilcar Tanuri, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_4212785	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado do Rio de Janeiro (LACEN/RJ)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Ighor Arantes, Agatha Soares, Renata Serrano Lopes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_4237245	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado do Rio de Janeiro (LACEN/RJ)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ighor Leonardo Arantes Gomes, Agatha Cristinne Prudencio, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Andrea Cony Cavalcanti, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_4414165	DASA	DASA	Rodrigo Guarischi, Paulo Pierry, Adriano Bonaldi, Cristina Oliveira, Bianca Cota, Angelica Hristov, Lidia Yamamoto, Rodrigo Salazar, Annelise Lopes, Jose Levi
EPI_ISL_4414424	DASA	DASA	Rodrigo Guarischi, Paulo Pierry, Adriano Bonaldi, Cristina Oliveira, Bianca Cota, Angelica Hristov, Lidia Yamamoto, Rodrigo Salazar, Annelise Lopes, Jose Levi
EPI_ISL_4423423	DASA	DASA	Rodrigo Guarischi, Paulo Pierry, Adriano Bonaldi, Cristina Oliveira, Bianca Cota, Angelica Hristov, Lidia Yamamoto, Rodrigo Salazar, Annelise Lopes, Jose Levi
EPI_ISL_4543239	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRU	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network



State: Bahia (BA)			
Accession ID	Originating lab	Submitting lab	Authors
EPI_ISL_1067736	Center for Biotechnology and Cell Therapy, São Rafael Hospital, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_1068371	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_1181380	Gonçalo Moniz Institute, FIOCRUZ, Bahia	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Renata Serrano Lopes, Tiago Graf, Ricardo Khouri, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_1181440	Gonçalo Moniz Institute, FIOCRUZ, Bahia	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Renata Serrano Lopes, Tiago Graf, Ricardo Khouri, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_1213237	LAFEM/UESC	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Alessandra P Lamarca, Luiz G P de Almeida, Ronaldo da Silva Francisco Jr, Lucymara Fassarella Agnez Lima, Kátia Castanho Scortecci, Vinícius Pietta Perez, Otavio J. Brustolini, Eduardo Sérgio Soares Sousa, Danielle Angst Secco, Angela Maria Guimarães Santos, George Rego Albuquerque, Ana Paula Melo Mariano, Bianca Mendes Maciel, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimarães, Paulo Ricardo Nascimento, Francisco Paulo Freire Neto, Sandra Rocha Gadelha, Luís Cristóvão Porto, Eloiza Helena Campana, Selma Maria Bezerra Jeronimo, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_1213303	LAFEM/UESC	Bioinformatics Laboratory / LNCC	Alessandra P Lamarca, Luiz G P de Almeida, Ronaldo da Silva Francisco Jr, Lucymara Fassarella Agnez Lima, Kátia Castanho Scortecci, Vinícius Pietta Perez, Otavio J. Brustolini, Eduardo Sérgio Soares Sousa, Danielle Angst Secco, Angela Maria Guimarães Santos, George Rego Albuquerque, Ana Paula Melo Mariano, Bianca Mendes Maciel, Alexandra L Gerber, Ana Paula de C Guimarães, Paulo Ricardo Nascimento, Francisco Paulo Freire Neto, Sandra Rocha Gadelha, Luís Cristóvão Porto, Eloiza Helena Campana, Selma Maria Bezerra Jeronimo, Ana Tereza R Vasconcelos
EPI_ISL_1583644	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_1583652	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_1583666	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_1583691	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_1608164	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_978503	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_978508	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN - Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_2466263	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado da Bahia (LACEN/BA)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Felicidade Pereira, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2491692	Centro de Pesquisa Gonçalo Moniz (CPqGM - FIOCRUZ/BA)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Ricardo Khouri, Camila I. de Oliveira, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2491724	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado da Bahia (LACEN/BA)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Felicidade Pereira, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network

EPI_ISL_2491748	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado da Bahia (LACEN/BA)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Felicidade Pereira, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
-----------------	--	--	--

EPI_ISL_2491749	Laboratorio Central de Saude Publica do Estado da Bahia (LACEN/BA)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Felicidade Pereira, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2491773	Centro de Pesquisa Gonçalo Moniz (CPqGM - FIOCRUZ/BA)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes, Ricardo Khouri, Camila I. de Oliveira, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_2663259	Plataforma de Vigilancia Molecular (PVM) - FIOCRUZ/BA	Plataforma de Vigilancia Molecular (PVM) - FIOCRUZ/BA	Ricardo Khouri, Marina Cucco, Tiago Graf, Clarissa Araújo Gurgel, Leonardo Paiva Farias, Bruno Bezerril Andrade, Camila I. de Oliveira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network.
EPI_ISL_2663281	Plataforma de Vigilancia Molecular (PVM) - FIOCRUZ/BA	Plataforma de Vigilancia Molecular (PVM) - FIOCRUZ/BA	Ricardo Khouri, Marina Cucco, Tiago Graf, Clarissa Araújo Gurgel, Leonardo Paiva Farias, Bruno Bezerril Andrade, Camila I. de Oliveira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network.
EPI_ISL_2663294	Plataforma de Vigilancia Molecular (PVM) - FIOCRUZ/BA	Plataforma de Vigilancia Molecular (PVM) - FIOCRUZ/BA	Ricardo Khouri, Marina Cucco, Tiago Graf, Clarissa Araújo Gurgel, Leonardo Paiva Farias, Bruno Bezerril Andrade, Camila I. de Oliveira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network.
EPI_ISL_2663307	Plataforma de Vigilancia Molecular (PVM) - FIOCRUZ/BA	Plataforma de Vigilancia Molecular (PVM) - FIOCRUZ/BA	Ricardo Khouri, Marina Cucco, Tiago Graf, Clarissa Araújo Gurgel, Leonardo Paiva Farias, Bruno Bezerril Andrade, Camila I. de Oliveira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_3255061	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3255074	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3255095	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3255111	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3255129	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3255150	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3255169	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3255185	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3255211	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3255235	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3255263	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3255280	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Patrícia Cajado, Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca, Marta Giovanetti, Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal



EPI_ISL_3266083	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy,Patricia Cajado,Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca,Marta Giovanetti,Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
-----------------	---	---	---

EPI_ISL_3506979	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy,Patricia Cajado,Marcela Gómez, Breno Dominguez, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca,Marta Giovanetti,Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3539226	Central Laboratory of Public Health of Bahia State (LACEN/BA)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	Paola Resende, Luciana Appolinario, Fernando Motta, Anna Carolina Paixao, Ana Carolina Mendonca, Alice Sampaio Rocha, Ighor Arantes, Agatha Soares, Taina Venas, Elisa Cavalcante Pereira, Renata Serrano Lopes,Felicidade Pereira, Marilda Siqueira on behalf of the Fiocruz COVID-19 Genomic Surveillance Network
EPI_ISL_3635667	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy,Marcela Gómez, Jaqueline Gomes,Gabriela Menezes, Lenisa Dandara,Vagner Fonseca,Marta Giovanetti,Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3944569	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy,Marcela Gómez, Jaqueline Gomes,Gabriela Menezes, Lenisa Dandara,Vagner Fonseca,Marta Giovanetti,Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3944600	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy,Marcela Gómez, Jaqueline Gomes,Gabriela Menezes, Lenisa Dandara,Vagner Fonseca,Marta Giovanetti,Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3944610	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy,Marcela Gómez, Jaqueline Gomes,Gabriela Menezes, Lenisa Dandara,Vagner Fonseca,Marta Giovanetti,Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_3944623	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy,Marcela Gómez, Jaqueline Gomes,Gabriela Menezes, Lenisa Dandara,Vagner Fonseca,Marta Giovanetti,Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_4417767	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Gabriela Menezes,Marcela Gómez, Lenisa Dandara, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca,Marta Giovanetti,Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_4417777	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Gabriela Menezes,Marcela Gómez, Lenisa Dandara, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca,Marta Giovanetti,Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_4417816	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Central Public Health Laboratory - LACEN -Bahia, Salvador, Brazil	Stephane Tosta, Luciana Oliveira, Vanessa Nardy, Gabriela Menezes,Marcela Gómez, Lenisa Dandara, Jaqueline Gomes, Vagner Fonseca,Marta Giovanetti,Luiz Alcantara, Felicidade Pereira, Arabela Leal
EPI_ISL_4423046	DASA	DASA	Rodrigo Guarischi, Paulo Pierry, Adriano Bonaldi, Cristina Oliveira, Bianca Cota, Angelica Hristov, Lidia Yamamoto, Rodrigo Salazar, Annelise Lopes, Jose Levi
EPI_ISL_4423058	DASA	DASA	Rodrigo Guarischi, Paulo Pierry, Adriano Bonaldi, Cristina Oliveira, Bianca Cota, Angelica Hristov, Lidia Yamamoto, Rodrigo Salazar, Annelise Lopes, Jose Levi
EPI_ISL_4427196	DASA	DASA	Rodrigo Guarischi, Paulo Pierry, Adriano Bonaldi, Cristina Oliveira, Bianca Cota, Angelica Hristov, Lidia Yamamoto, Rodrigo Salazar, Annelise Lopes, Jose Levi
EPI_ISL_4427492	DASA	DASA	Rodrigo Guarischi, Paulo Pierry, Adriano Bonaldi, Cristina Oliveira, Bianca Cota, Angelica Hristov, Lidia Yamamoto, Rodrigo Salazar, Annelise Lopes, Jose Levi



EPI\_ISL\_3921400      Unidade de apoio ao diagnóstico da  
COVID - UNADIG

Bioinformatics Laboratory / LNCC

Alessandra P. Lamarca; Alexandra L. Gerber; Amílcar Tanuri; Ana Paula de C. Guimarães; Ana Tereza R. Vasconcelos; Andréa Cony Cavalcanti; Caio Luiz Pereira Ribeiro; Cintia Polcarpo; Claudia Maria Braga de Mello; Cristiane Gomes da Silva; Douglas Terra Machado; Érica Ramos dos Santos Nascimento; Fernanda Leitao dos Santos; Flávio Dias da Silva; Gleidson da Silva de Oliveira; Leandro Magalhães de Souza; Liliane Cavalcante; Lutz G. P. de Almeida; Marcio Henrique de Oliveira Garcia; Mario Sergio Ribeiro; Ricardo Jose Barbosa Salviano; Ronaldo da Silva F. Jr.; Sílvia Carvalho