

Boletim Informativo

Boletim de Sequenciamento SARS-CoV-2

Edição nº 1/2022



SECRETARIA
DA SAÚDE

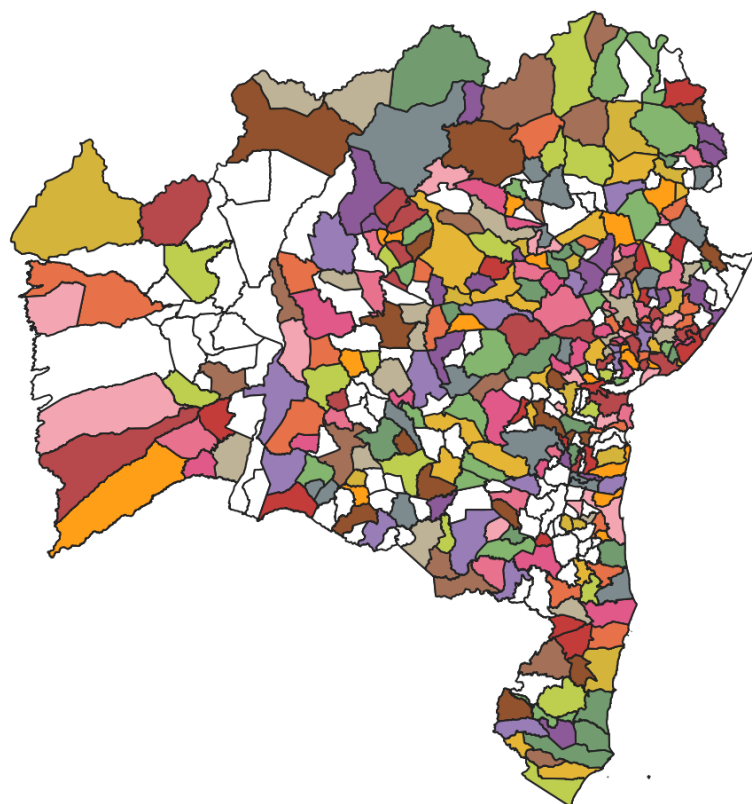
Relatório dos resultados parciais referente ao sequenciamento de nova geração das amostras de SARS-CoV-2 positivas realizado no Laboratório Central de Saúde Pública Profº Gonçalo Moniz – LACEN/BA

ATIVIDADES DESENVOLVIDAS

O Laboratório Central de Saúde Pública Profº Gonçalo Moniz (LACEN/BA), reconhecido como a 3ª maior unidade de vigilância laboratorial do país e classificado na categoria máxima de qualidade pelo Ministério da Saúde, realiza um conjunto de ações transversais junto com os demais sistemas de vigilância em saúde, propiciando conhecimento e investigação diagnóstica de agravos e verificação da qualidade de produtos de interesse para a saúde pública mediante estudo, pesquisa e análises relacionadas aos riscos epidemiológicos, sanitários, ambientais e da saúde do trabalhador, além de coordenar a Rede Estadual de Laboratórios de Saúde Pública – RELSP – na Bahia. Também se dedica à busca de novas metodologias de diagnóstico laboratorial aplicadas a pesquisa de patógenos virais emergentes e reemergentes, incluindo as tecnologias de sequenciamento de nova geração, formação de recursos humanos, capacitação pessoal e inovação em diagnóstico de patógenos emergentes e reemergentes.

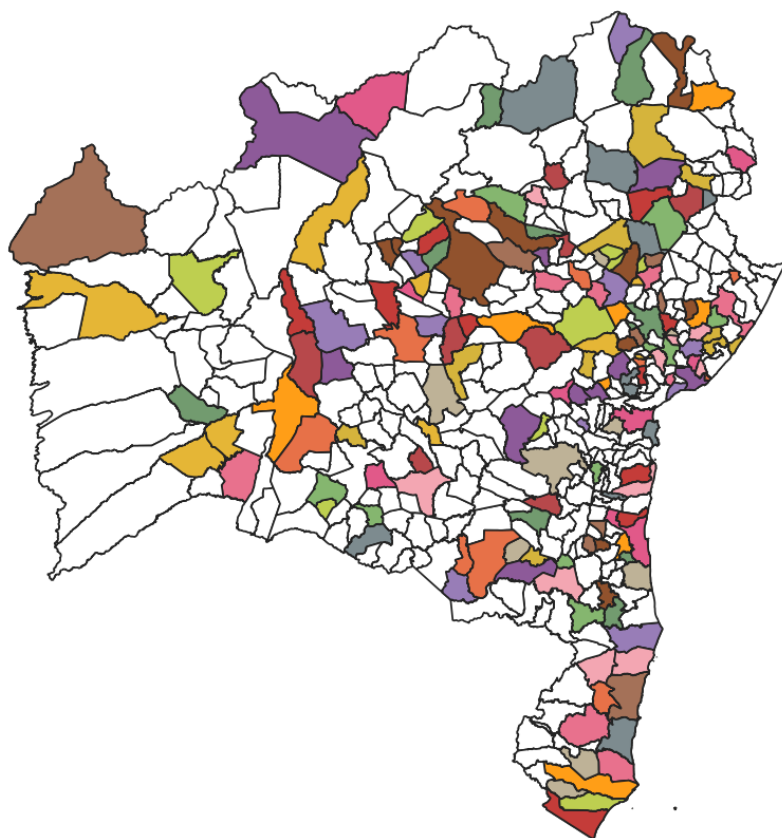
Um total de **1.436 genomas completos do SARS-CoV-2** já foram gerados pelo LACEN/BA, desde o início da implantação do laboratório de sequenciamento genético na unidade, em setembro de 2020. (**Figura 1**).

Figura 1. Municípios onde foram obtidas sequências genômicas do SARS-CoV-2, período de 2020 a 2022, Bahia, Brasil.



Em 2022, até a presente data, **341 genomas completos do SARS-CoV-2** foram gerados de amostras provenientes dos 09 (nove) Núcleos Regionais de Saúde da Bahia: Sul (15%), Leste (24%), Norte (8%), Sudoeste (9%), Oeste (4%), Nordeste (5%), Centro-Norte (10%), Centro-Leste (20%) e Extremo Sul (6%) (**Figura 2**).

Figura 2. Municípios onde foram obtidas sequências genômicas do SARS-CoV-2, no ano de 2022, Bahia, Brasil.



As amostras sequenciadas atenderam aos seguintes critérios: suspeitas e/ou contatos de VOC (do inglês *Variants of concern*, variantes de preocupação/atenção) e VOI (do inglês *Variants of interest*, variantes de interesse) informados pela vigilância; surtos, tripulantes de navio, casos que evoluíram para óbitos; casos de COVID-19 que agravaram com rapidamente; amostras com carga viral alta; além de pacientes com diagnóstico positivo para SARS-CoV-2 com histórico de viagem para região de circulação de variantes de atenção. Salientamos que o acompanhamento de casos com e sem histórico de viagem é de fundamental importância para investigar tanto a dispersão de variantes existentes, quanto à introdução de novas variantes.

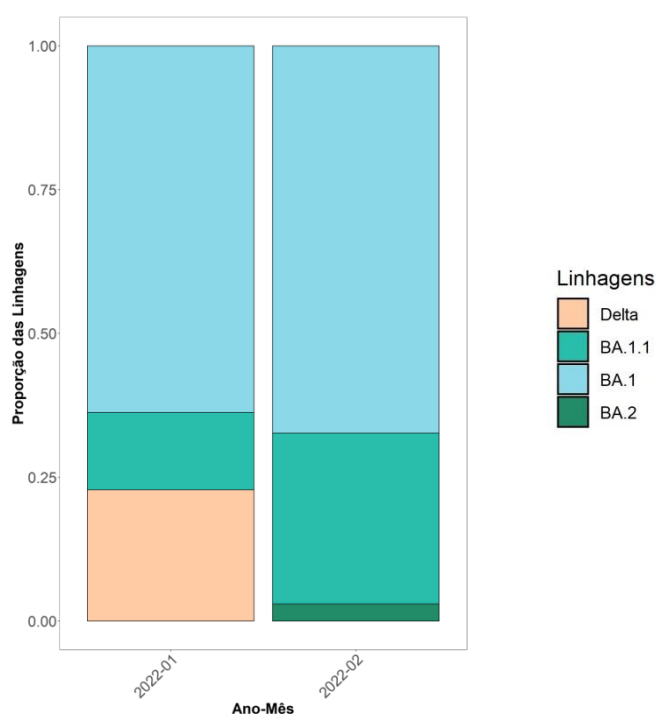
Os genomas foram sequenciados com a tecnologia de sequenciamento de nova geração no equipamento Ion Genestudio S5 Plus da Thermo Fisher Scientific e apresentaram em sua grande maioria cobertura superior a 99% do genoma total. Das amostras sequenciadas, 23 genomas foram obtidos utilizando a tecnologia de sequenciamento por nanoporos com o sequenciador portátil MinION.

As sequências genômicas geradas foram analisadas pelo software *Genome Detective - CoronavirusTyping Tool*, disponível online (Cleemput et al., 2020). A avaliação da linhagem foi realizada utilizando a ferramenta *Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak LINEages*

disponível em <https://github.com/hCoV-2019/pangolin>, seguindo a recente classificação dinâmica proposta por Rambaut e colaboradores (Rambaut et al 2020).

Das 341 amostras sequenciadas, 80,1% (273/341) correspondem à variante Ômicron, sendo 0,9% (03/341) da sub-linhagem BA.2, 16,7% (57/341) da sub-linhagem BA.1.1 e 62,5% (213/341) da sub-linhagem BA.1. Foram também detectadas 19,9% amostras (10/341) da VOC Delta, sendo 0,3% (01/341) de cada uma das sub-linhagens (AY.124, AY.34.1, AY.42, AY.43.7, AY.46.3, AY.99.1), 0,9% (03/341) da sub-linhagem AY.43.2, 1,5% (05/341) da sub-linhagem AY.34.1.1, 2,3% (08/341) da sub-linhagem AY.43 e 13,5% (46/341) da sub-linhagem AY.99.2. (**Figura 3**).

Figura 3. Frequência e distribuição das linhagens do SARS-CoV-2 no estado da Bahia no ano de 2022.



Com vistas a ampliar a investigação da circulação da variante Ômicron no estado nos meses de janeiro e fevereiro, foi utilizado o kit de RT-PCR para detecção de variantes do SARS-CoV2, produzido por Biomanguinhos como triagem em 276 amostras. Os resultados apontaram que 97 amostras eram sugestivas da variante Ômicron. Após o sequenciamento destas amostras, 91,8% (89/97) foram confirmadas como a variante Ômicron, sendo 81,4% (79/97) da sub-linhagem BA.1 e 10,3% (10/92) da sub-linhagem BA.1.1. Os 8,2% (8/97) restantes foram identificadas como a variante Delta, sendo 5,2% (05/97) da sub-linhagem AY.99.2 e 1% (01/97) de cada uma das sub-linhagens AY.34.1.1, AY.43 e AY.43.7.

Os resultados obtidos neste ano mostram que circulam no estado da Bahia apenas as VOC Delta e Ômicron, sendo que no mês de fevereiro, prioritariamente esta última, inclusive com a introdução da subvariante BA.2, considerada mais contagiosa que a versão “original” da Ômicron. Por fim, ratificamos que a mobilidade humana representa um fator crucial para a dispersão do SARS-CoV2, bem como das suas novas variantes, portanto distanciamento social e medida de restrições ainda continuam sendo essenciais para tentarmos minimizar a circulação deste patógeno na Bahia.

REFERÊNCIAS

CLEEMPUT, S. et al. "Genome Detective Coronavirus Typing Tool for rapid identification and characterization of novel coronavirus genomes." Bioinformatics, 2020.

RAMBAUT, A. et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. Nat Microbiol. 2020 Nov;5(11):1403-1407. doi: 10.1038/s41564-020-0770-5. Epub 2020 Jul 15. PMID: 32669681.

Editorial Boletim Informativo LACEN/BA – EDIÇÃO nº 1/2022 – 17.03.2022

Superintendência de Vigilância e Proteção da Saúde (SUVISA)

Rivia Barros

Laboratório Central de Saúde Pública Profº Gonçalo Moniz (LACEN/BA)

Arabela Leal e Silva de Mello

Coordenação de Laboratórios de Vigilância Epidemiológica (CLAVEP)

Coordenadora Técnica:

Felicidade Mota Pereira

Equipe Técnica:

Vanessa Brandão Nardy

Luciana Reboredo de Oliveira da Silva

Stephane Fraga de Oliveira Tosta

Jaqueline Gomes Lima

Marcela Kelly Astete Gomez

Gabriela Sant'Ana Menezes

Jéssica Francisco de Araujo

Análise dos dados:

Marta Giovanetti

Vagner Fonseca

Luiz Carlos Junior Alcantara

Edição:

Mariana Nossa Aragão