

# Boletim Informativo

## Boletim de Sequenciamento SARS-CoV-2

Edição nº 3/2022



SECRETARIA  
DA SAÚDE

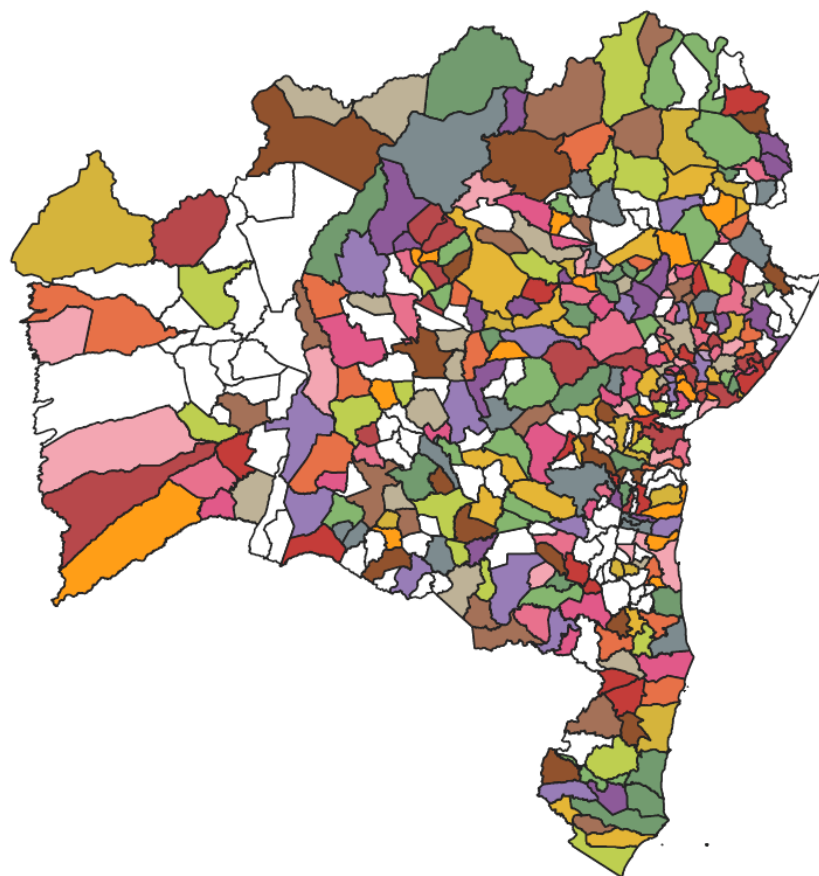
# Relatório dos resultados parciais referente ao sequenciamento de nova geração das amostras de SARS-CoV-2 positivas realizado no Laboratório Central de Saúde Pública Profº Gonçalo Moniz – LACEN/BA

## ATIVIDADES DESENVOLVIDAS

Este Boletim tem como finalidade apresentar os dados de sequenciamento genômico do vírus SARS-CoV2 realizados pelo LACEN/Ba no ano de 2022.

De setembro de 2020 a dezembro de 2021, um total de 1.606 genomas completos do SARS-CoV-2 já foram gerados pelo LACEN/BA, (Figura 1).

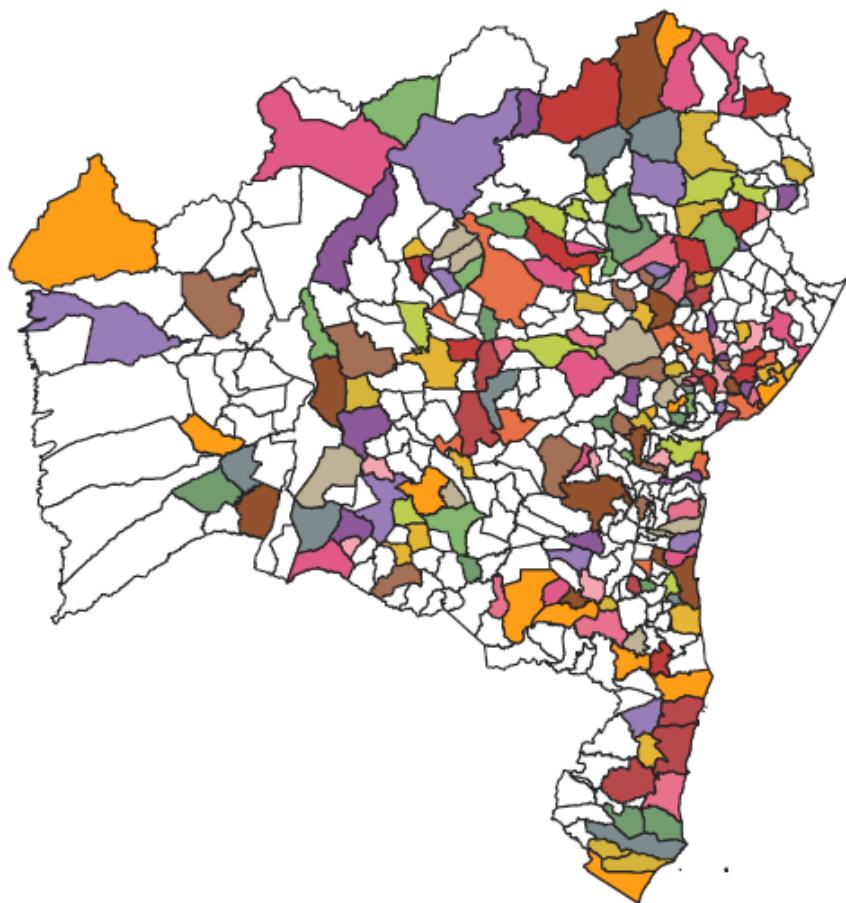
**Figura 1.** Municípios onde foram obtidas sequências genômicas do SARS-CoV-2, período de 2020 a 2021, Bahia, Brasil.



Fonte: GAL Bahia

Em 2022, até a presente data, **873 genomas completos do SARS-CoV-2** foram gerados de amostras provenientes dos 09 (nove) Núcleos Regionais de Saúde da Bahia: Sul (10%), Leste (20%), Norte (6%), Sudoeste (8%), Oeste (2%), Nordeste (10%), Centro-Norte (5%), Centro-Leste (36%) e Extremo Sul (4%) (**Figuras 2 e 4**).

**Figura 2.** Municípios com sequências genômicas do SARS-CoV-2 no ano de 2022, Bahia, Brasil.



Fonte: GAL Bahia

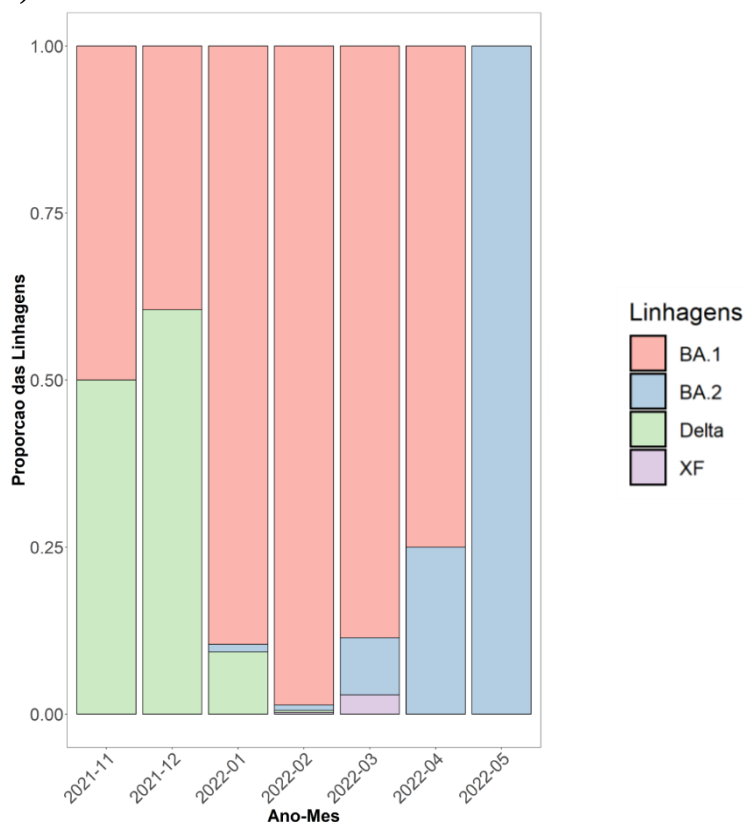
As amostras sequenciadas atenderam aos seguintes critérios: suspeitas e/ou contatos de VOC (do inglês *Variants of concern*, variantes de preocupação/atenção) e VOI (do inglês *Variants of interest*, variantes de interesse) informados pela vigilância; surtos, tripulantes de navio, casos que evoluíram 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.

Todos os genomas gerados no período foram sequenciados com tecnologia de sequenciamento de nova geração e apresentaram em sua grande maioria cobertura superior a 99% do genoma total. Destes, 387 genomas foram sequenciados no equipamento Ion Genestudio S5 Plus da Thermo Fisher Scientific, 24 genomas foram obtidos utilizando a tecnologia de sequenciamento por nanoporos com o sequenciador portátil MinION e 462 genomas através da Tecnologia Illumina no equipamento MiSeq.

As sequências genômicas geradas foram analisadas pelo *software* Genome Detective – *Coronavirus Typing Tool*, bem como a árvore filogenética, 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).

No mês de maio foram sequenciadas um total de 279 amostras, que foram coletadas no primeiro trimestre de 2022. Destas, 100% (279/279) correspondem a variante Ômicron, sendo 99,64% (278/279) da sub-linhagem BA.1 e 0,36% (1/279) da sub-linhagem BA.2. (**Figura 3**).

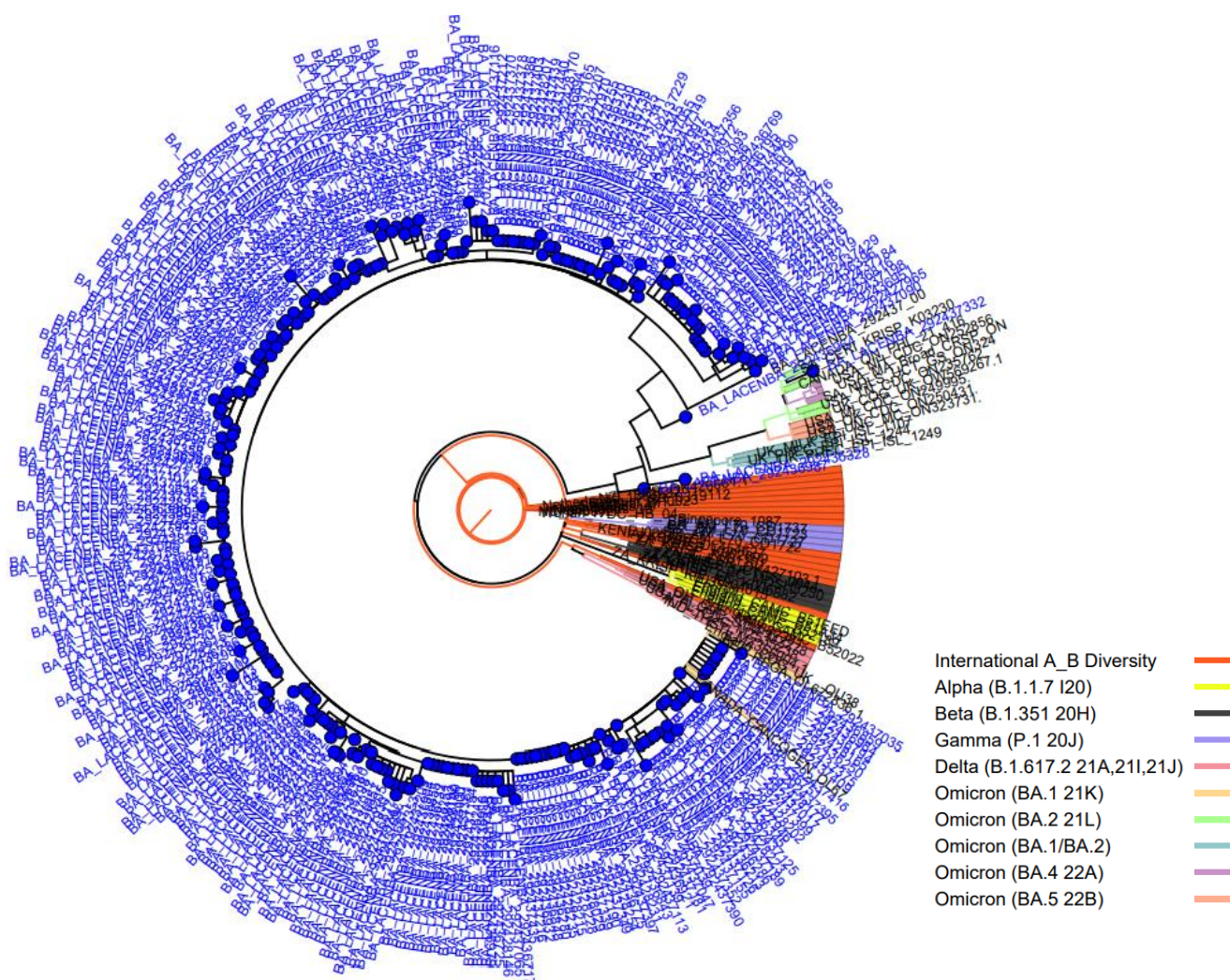
**Figura 3.** Frequência e distribuição das linhagens do SARS-CoV-2 no estado da Bahia no ano de 2022. Obs.: BA.1 incluem as linhagens (BA.1, BA.1.1, BA.1.1.1, BA.1.1.15, BA.1.14, BA.1.15, BA.1.17.2, BA.1.5 e BA.1.9).



Fonte: GAL Bahia.

Os resultados obtidos demonstram a circulação no estado da Bahia das VOC Ômicron e Delta, com recente identificação da linhagem recombinante XF. 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.

**Figura 4.** Reconstrução filogenética do SARS-CoV2 das sequências geradas no LACEN/Ba, em 2022.



Fonte: GAL 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 3/2022 – 13.06.2022**

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

Jaqueline Gomes Lima

Marcela Kelly Astete Gomez

Gabriela Sant'Ana Menezes

Aline Salomão de Araujo

Análise dos dados:

Felicidade Mota Pereira

Vanessa Brandão Nardy

Jaqueline Gomes Lima

Marcela Kelly Astete Gomez

Gabriela Sant'Ana Menezes

Aline Salomão de Araujo

Edição:

Mariana Nossa Aragão