

Boletim Informativo

Boletim de Sequenciamento SARS-CoV-2



Edição nº 4/2022



Estado da Bahia

SECRETARIA
DA SAÚDE

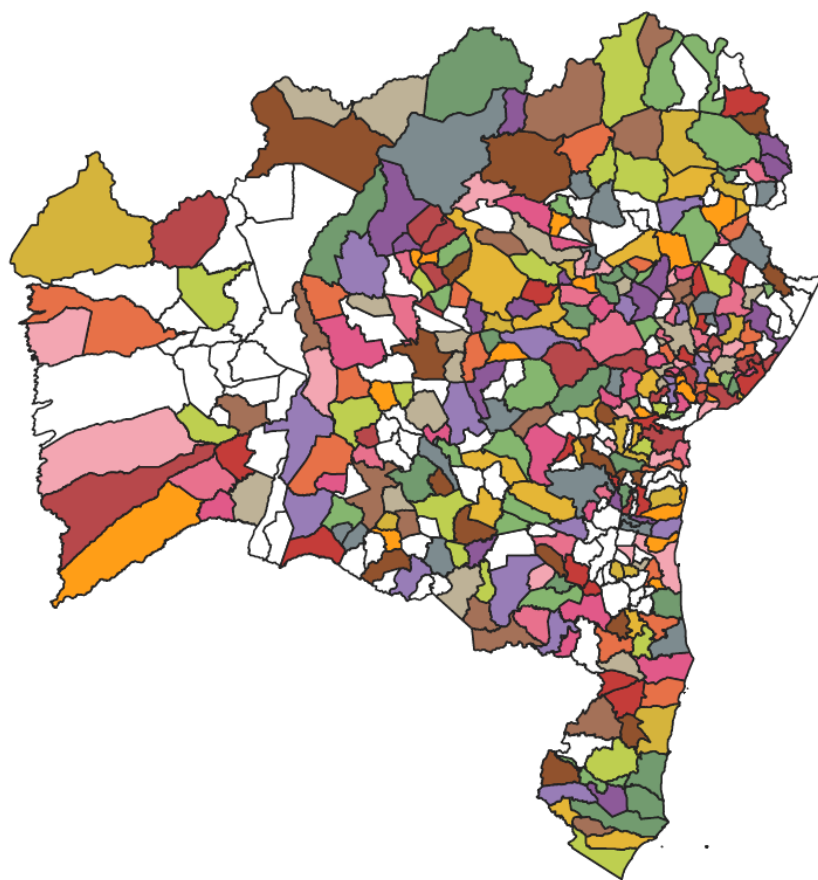
Relatório dos resultados parciais referente ao sequenciamento de nova geração das amostras de SARS-CoV-2 positivas realizado no Laboratório Central de Saúde Pública Profº Gonçalo Moniz – LACEN/BA

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**).

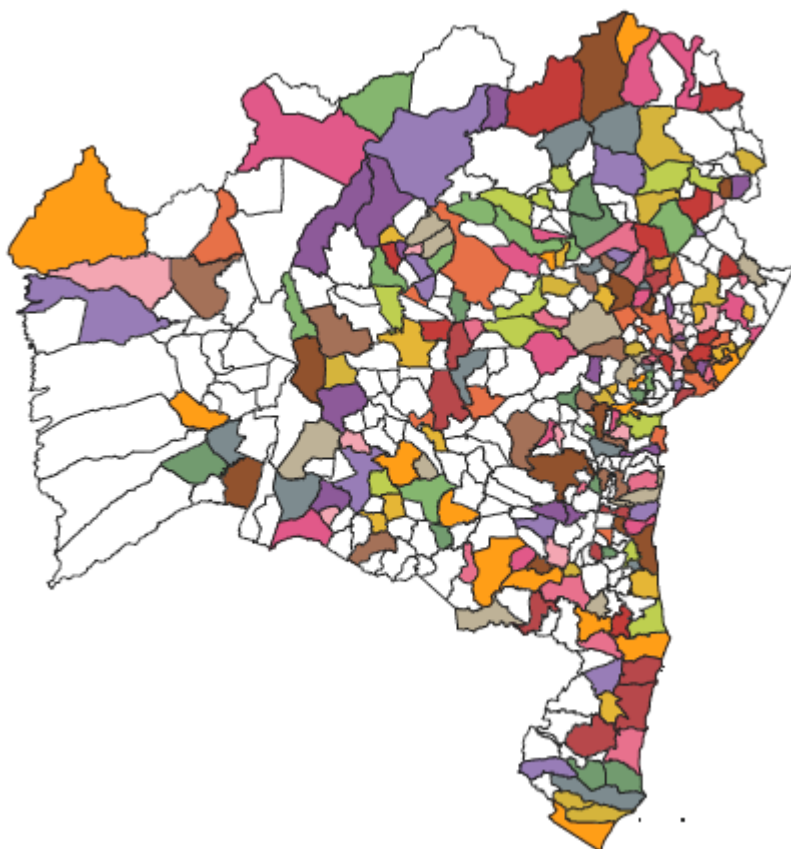
Figura 1. Municípios onde foram obtidas sequências genômicas do SARS-CoV-2, período de 2020 a 2021, Bahia, Brasil.



Fonte: GAL Bahia

Em 2022, até a presente data, **1.083 genomas completos do SARS-CoV-2** foram gerados de amostras provenientes dos 09 (nove) Núcleos Regionais de Saúde da Bahia: Sul (10%), Leste (18%), Norte (6%), Sudoeste (7%), Oeste (2%), Nordeste (15%), Centro-Norte (4%), Centro-Leste (35%) e Extremo Sul (3%) (**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 se agravaram rapidamente; amostras com alta carga viral; 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

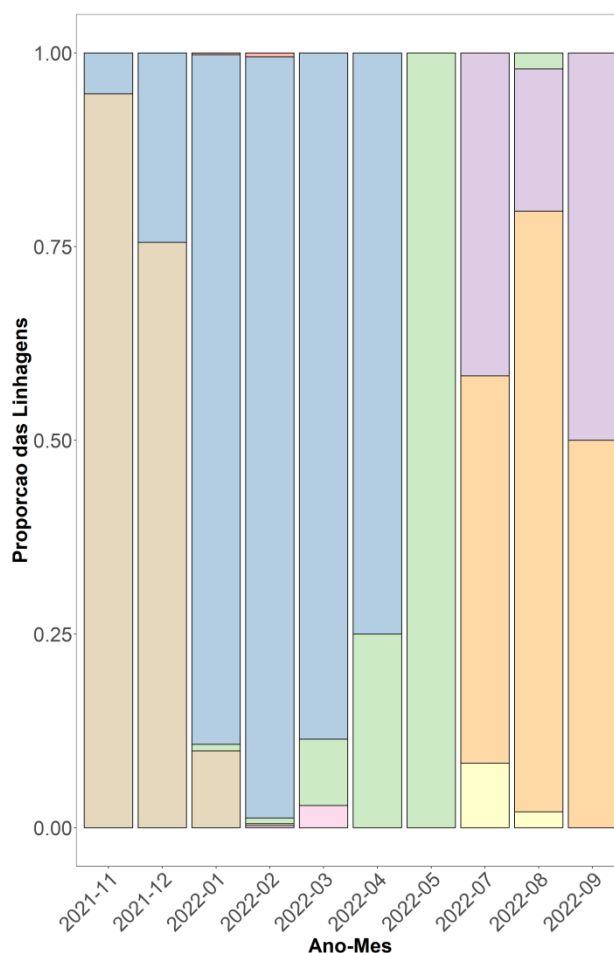
com e sem histórico de viagem é de fundamental importância para investigar tanto a dispersão de variantes existentes, quanto à introdução de novas variantes.

Todos os genomas gerados no período foram sequenciados com tecnologia de sequenciamento de nova geração e apresentaram em sua maioria cobertura superior a 99% do genoma total. Destes, 503 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 556 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 setembro foram sequenciadas um total de 63 amostras, coletadas no segundo trimestre de 2022. Destas, 100% (63/63) correspondem a variante Ômicron, sendo 1,6% (01/63) da sub-linhagem BA.2, 23,8% da sub-linhagem BA.4 (15/63), 71,4% da sub-linhagem BA.5 (45/63) e 3,2% (02/63) da sub-linhagem BF.12. (**Figura 3**).

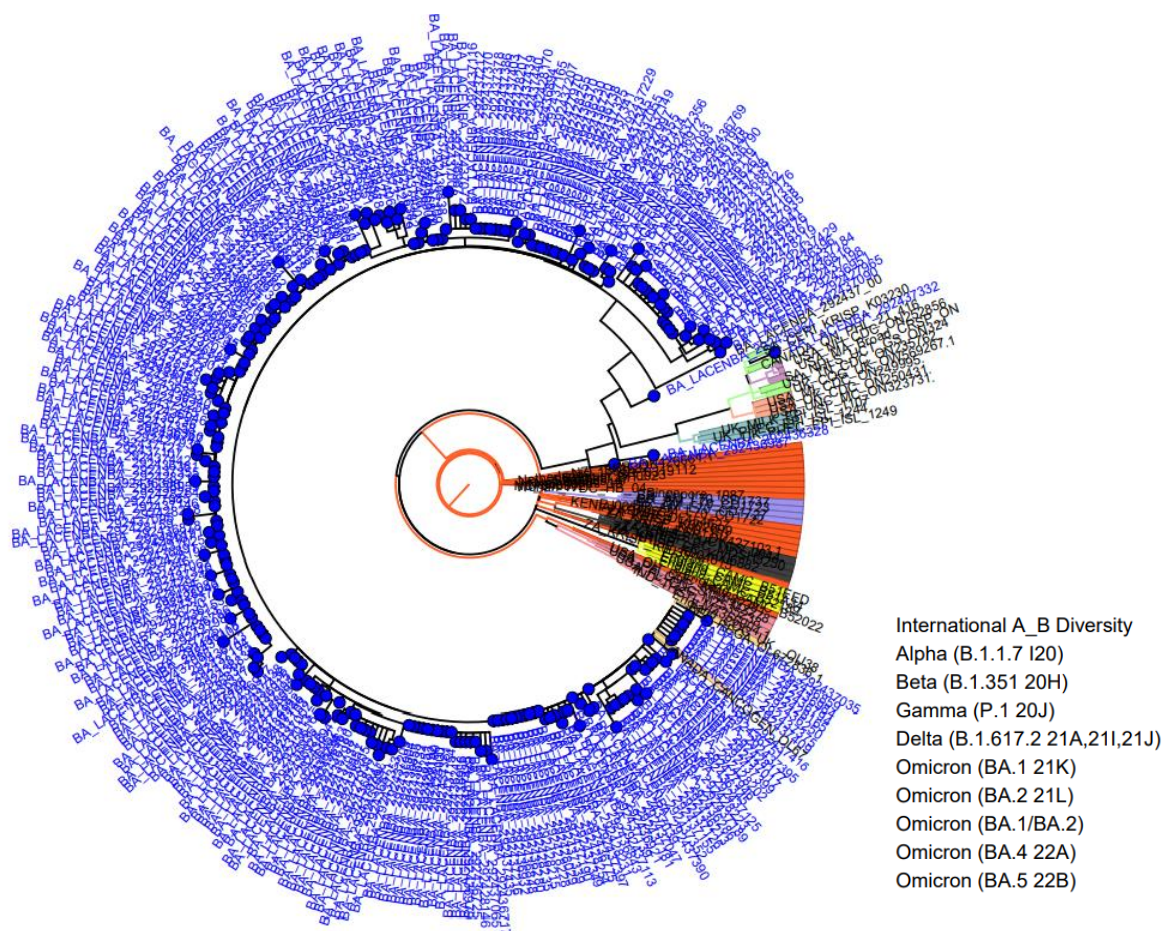
Figura 3. Frequência e distribuição das linhagens do SARS-CoV-2 no estado da Bahia no ano de 2022. Obs: BA.1 incluem as sublinhagens BA.1, BA.1.1, BA.1.1.1, BA.1.1.15, BA.1.14, BA.1.15, BA.1.17.2, BA.1.5 e BA.1.9; BA.2 incluem as sublinhagens BA.2 e BA.2.9; BA.4 incluem as sublinhagens BA.4, BA.4.1, BA.4.1.5 e BA.4.6; BA.5 incluem as sublinhagens BA.5, BA.5.1 e BA.5.2.1.



Fonte: GAL Bahia.

Os resultados obtidos demonstram a circulação no estado da Bahia das VOC Ômicron e Delta, sendo que, a partir do segundo trimestre de 2022, foi observado a predominância da VOC 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.

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 CoronavirusTyping 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 04 – 17.10.2022

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
Marcela Kelly Astete Gomez
Gabriela Sant'Ana Menezes
Aline Salomão de Araujo
Lara Evellyn do Nascimento Macedo

Análise dos dados e elaboração:
Felicidade Mota Pereira
Vanessa Brandão Nardy
Marcela Kelly Astete Gomez
Gabriela Sant'Ana Menezes
Aline Salomão de Araujo
Lara Evellyn do Nascimento Macedo
Filipe Ferreira de Almeida Rego

Edição:
Mariana Nossa Aragão