

Boletim Informativo

SEQUENCIAMENTO SARS-CoV-2



Edição nº 5/2022



Estado da Bahia

SECRETARIA
DA SAÚDE

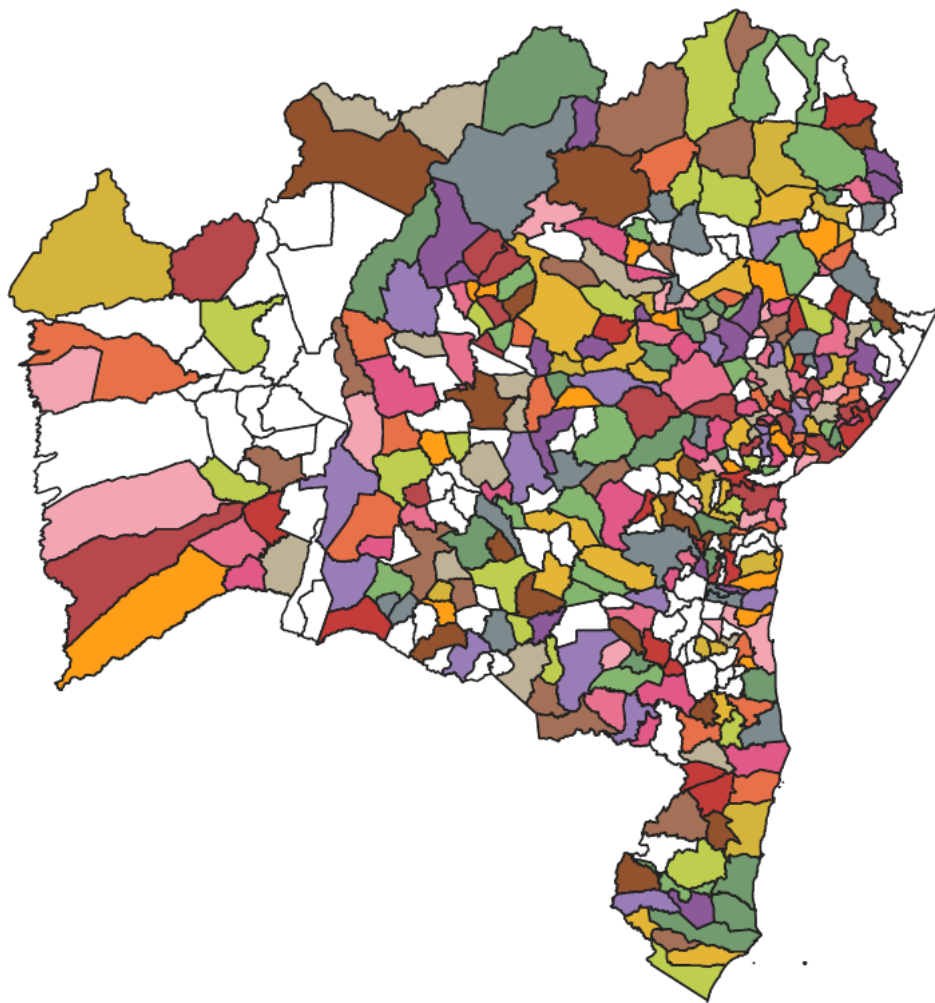
Relatório dos resultados parciais referente ao sequenciamento de nova geração das amostras de SARS-CoV-2 positivas realizado no Laboratório Central de Saúde Pública Profº Gonçalo Moniz – LACEN/BA

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** foram gerados pelo LACEN/BA (**Figura 1**).

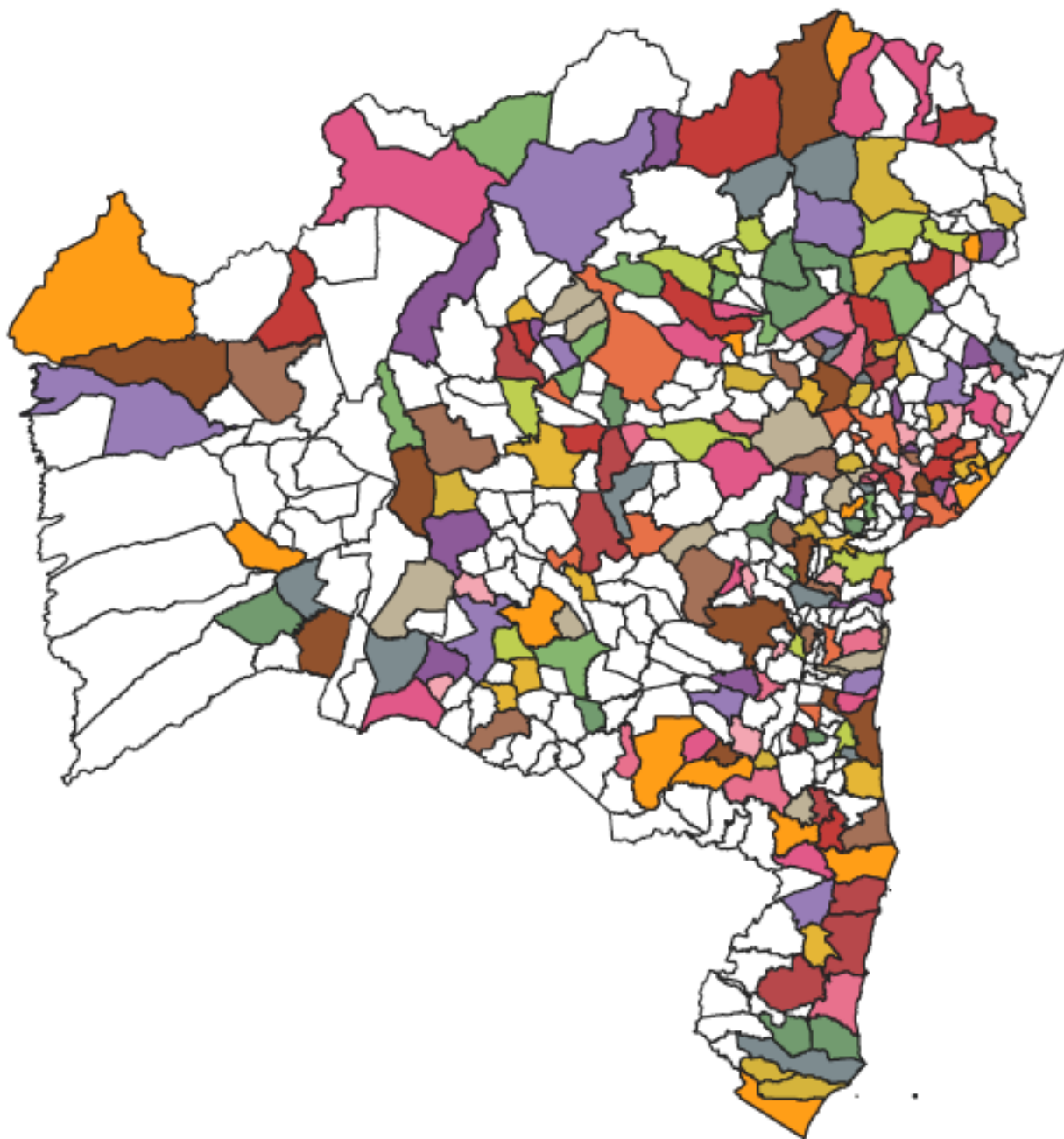
Figura 1. Municípios onde foram obtidas sequências genômicas do SARS-CoV-2, período de 2020 a 2021, Bahia, Brasil.



Fonte: GAL Bahia

Em 2022, até a presente data, **1.212 genomas completos do SARS-CoV-2** foram gerados de amostras provenientes dos 09 (nove) Núcleos Regionais de Saúde da Bahia: Sul (10%), Leste (23%), Norte (5%), Sudoeste (6%), Oeste (2%), Nordeste (14%), Centro-Norte (4%), Centro-Leste (33%) 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, 632 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).

Nos meses de outubro e novembro de 2022 foram sequenciados um total de 128 genomas completos do SARS-CoV-2 de amostras coletadas antes e após o aumento dos casos de COVID-19. Os genomas sequenciados correspondem em 100% a variante Ômicron, sendo 3,2% (4/128) da linhagem BA.1; 1,6% (2/128) da linhagem BA.2; 18,0% (23/128) da linhagem BA.4; 42,1% (54/128) da linhagem BA.5; 32,0 % (41/128) da linhagem BQ.1 e 0,8% (01/128) para cada uma das linhagens BE.1, BE.9, BF.33 e XBB.2 (**Figura 3**).

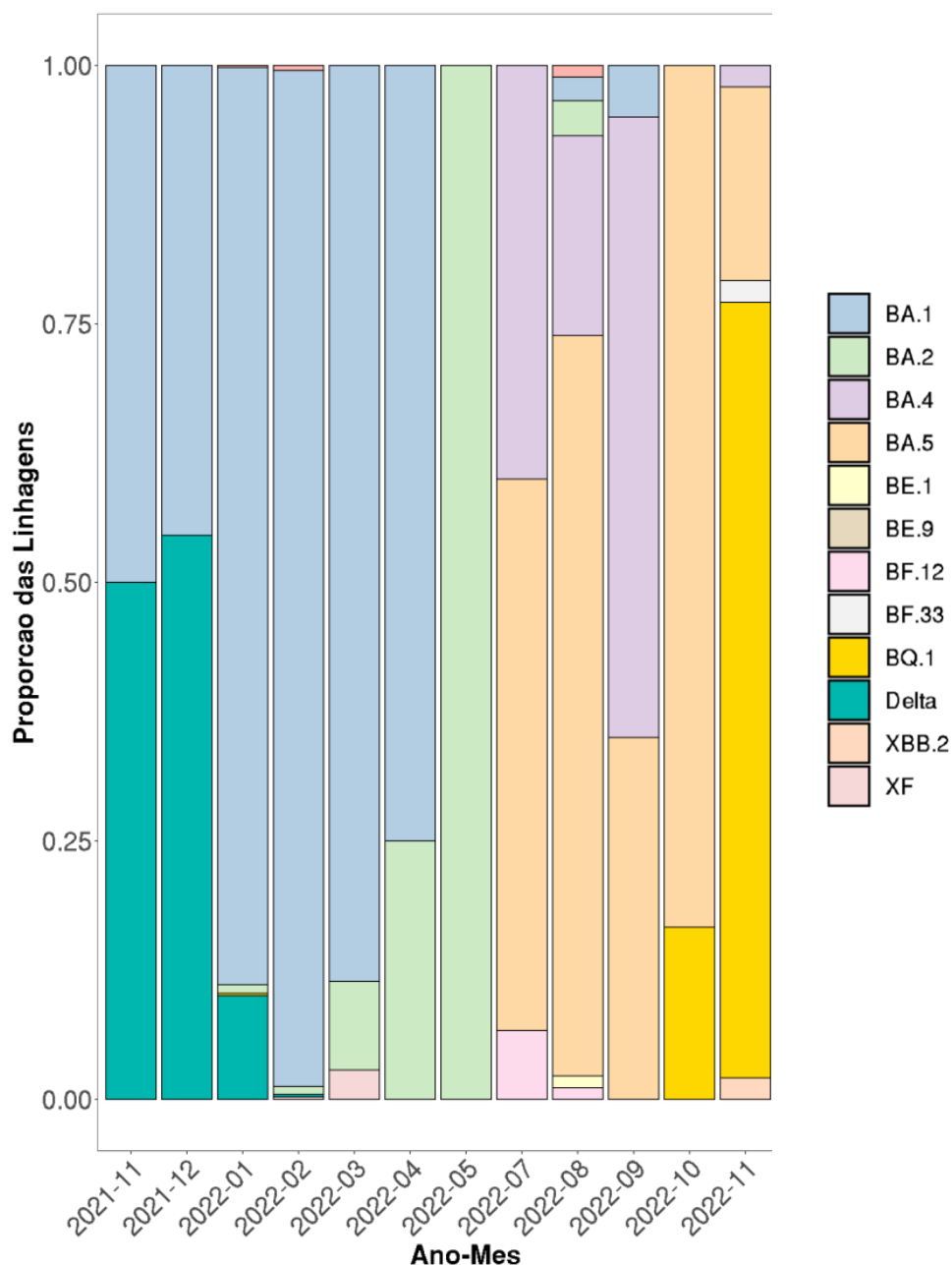
Tabela 1. Frequência das linhagens e sub linhagens do Sars-CoV-2 identificadas nos meses de outubro e novembro de 2022 no estado da Bahia.

LINHAGEM	SUBLINHAGEM	n	%
BA.1	BA.1	02	1,6
	BA.1.14	02	1,6
BA.2	BA.2.12.1	01	0,8
	BA.2.81	01	0,8
BA.4	BA.4	05	3,9
	BA.4.1	04	3,2
	BA.4.6	14	10,9
BA.5	BA.5	01	0,8
	BA.5.1	23	17,9
	BA.5.1.21	04	3,2
	BA.5.1.22	01	0,8
	BA.5.2	08	6,2
	BA.5.2.1	10	7,8
	BA.5.3.1	07	5,4
BE.1	-	01	0,8
BE.9	-	01	0,8
BF.33	-	01	0,8
BQ.1	BQ.1	03	2,3
	BQ.1.1	04	3,2
	BQ.1.22	34	26,5
XBB.2	-	01	0,8
Total		128	100

Fonte: GAL Bahia.

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

Obs: BA.1 incluem as sub-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; BA.2 incluem as sub-linhagens BA.2, BA.2.9, BA.2.12.1 e BA.2.81; BA.4 incluem as sub-linhagens BA.4, BA.4.1, BA.4.1.5 e BA.4.6; BA.5 incluem as sub-linhagens BA.5, BA.5.1, BA.5.1.21, BA.5.1.22, BA.5.2, BA.5.2.1 e BA.5.3.1; BQ.1 incluem as sub-linhagens BQ.1, BQ.1.1 e BQ.1.22.

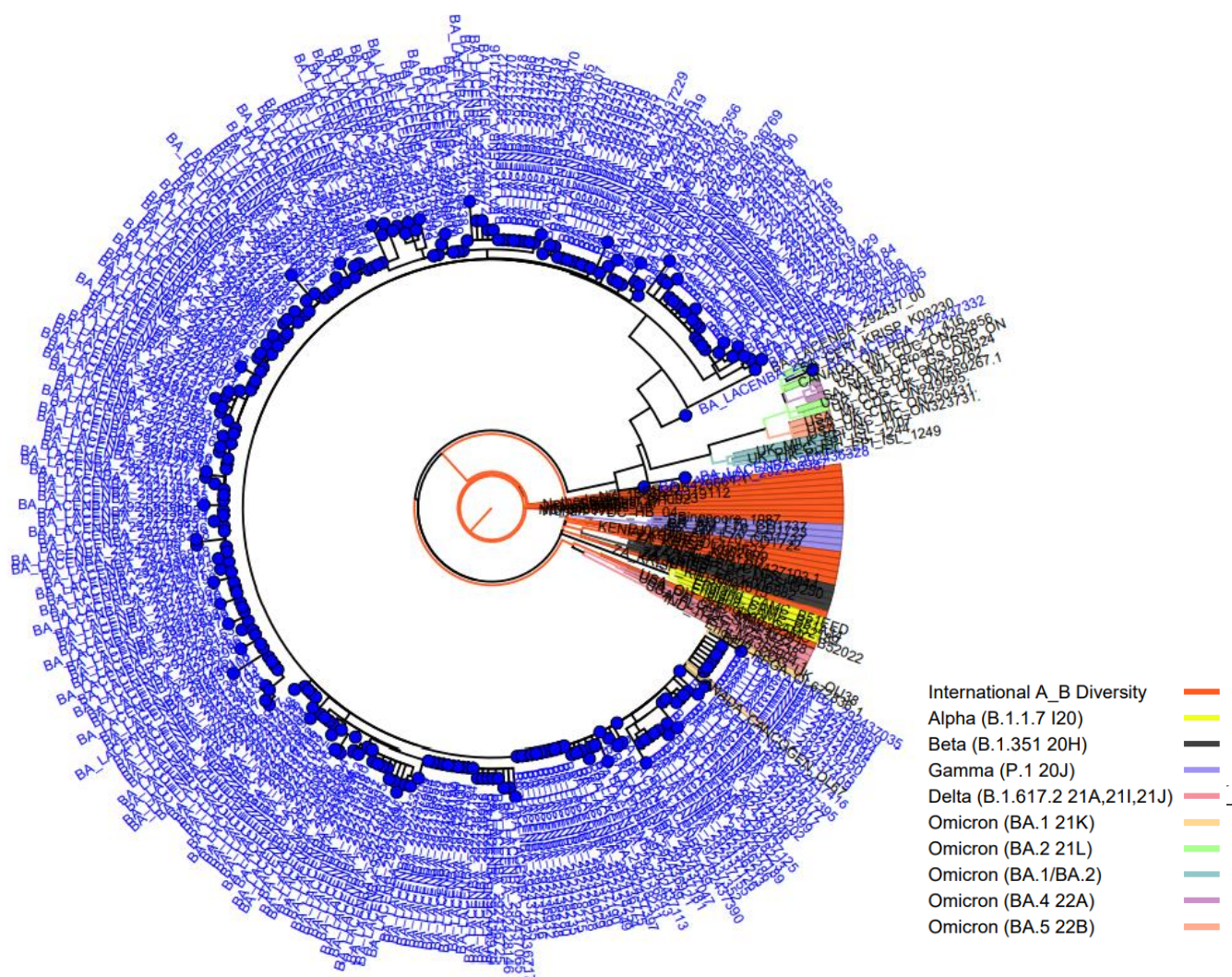


Fonte: GAL Bahia.

Os resultados obtidos até o momento demonstram a predominância da VOC Ômicron, sendo que na Semana Epidemiológica (SE) 46, período que se registra o aumento de casos notificados de COVID-19 na Bahia se observa a introdução das linhagens BQ.1 e BE.9, além da sub-linhagem BA.5.3.1. Destacamos também neste período a detecção da linhagem recombinante XBB.2 da Ômicron em nosso estado, ainda sem registro de circulação no país.

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 Sequenciamento SARS-CoV-2 LACEN/BA – EDIÇÃO 05 – 25.11.2022

Superintendência de Vigilância e Proteção da Saúde (SUVISA)
Rívia 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 de Elaboração:
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

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