

# Boletim Informativo

## SEQUENCIAMENTO SARS-CoV-2



Edição nº 6/2022



Estado da Bahia

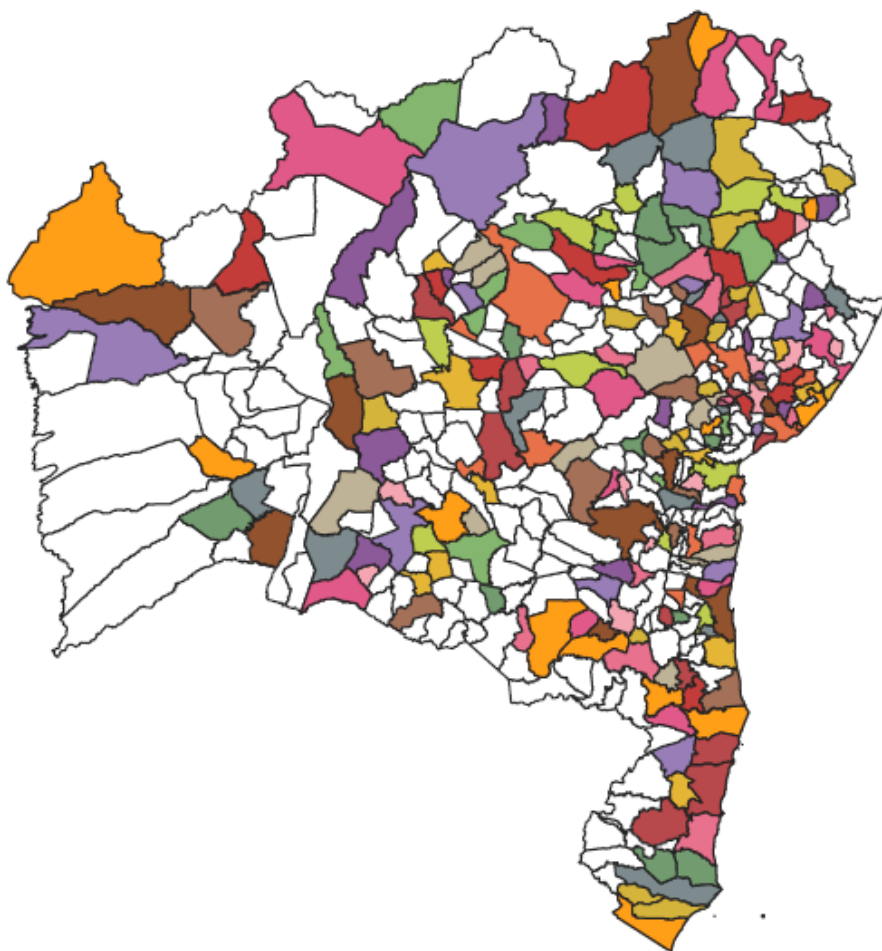
SECRETARIA  
DA SAÚDE

# 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

Em 2022, até a presente data, **1.276 genomas completos do SARS-CoV-2** foram gerados de amostras provenientes de diversas cidades dos nove Núcleos Regionais de Saúde da Bahia: Sul (9%), Leste (23%), Norte (6%), Sudoeste (5%), Oeste (2%), Nordeste (13%), Centro-Norte (4%), Centro-Leste (34%) e Extremo Sul (4%) (**Figura 1**).

**Figura 1.** 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.

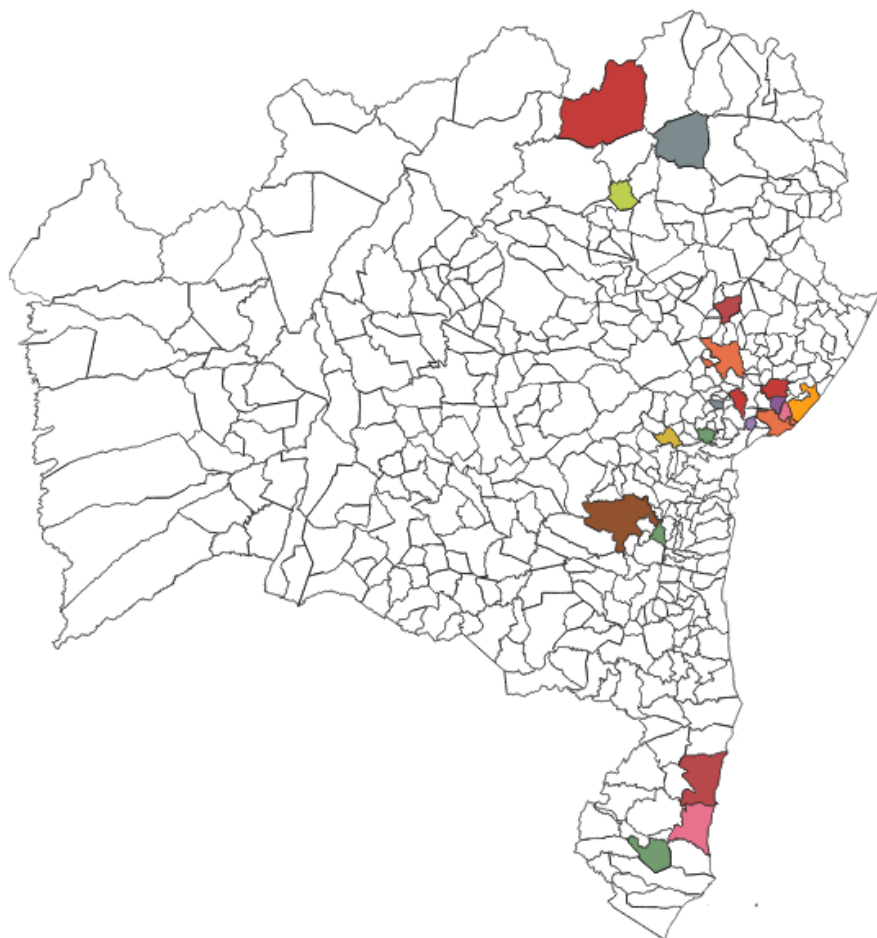
Todos os genomas gerados no período foram sequenciados com tecnologia de sequenciamento de nova geração e apresentaram em sua maioria cobertura superior a 99% do genoma total. Destes, 696 genomas foram sequenciados no equipamento Ion Genestudio S5 Plus da Thermo Fisher Scientific, 24 genomas foram obtidos utilizando a tecnologia de sequenciamento por nanoporos com o sequenciador portátil MinION e 556 genomas através da Tecnologia Illumina no equipamento MiSeq.

Para identificação das linhagens todas as sequências foram analisadas utilizando o Genome Detective (Visker et al, 2019; Cleemput et al, 2020), que realiza a análise de qualidade (fastqc) e edição dos reads (trimmomatic), seguida de uma montagem da sequência consenso utilizando as abordagens *de novo* assembly e mapeamento para referência. Em seguida, as sequências consenso foram curadas e submetidas à análise pelo NextClade (Aksamentov et al, 2021) e Pangolin (O'Toole et al, 2021) para determinação da linhagem do SARS-CoV-2 (Rambaut et al, 2020).

Na rodada de sequenciamento do dia 28/11/2022 foram gerados um total de 64 genomas completos do SARS-CoV-2 pela metodologia de Ion Torrent, sendo um genoma relativo ao mês de outubro e o restante relativo ao mês de novembro, provenientes de algumas cidades da Bahia (**Figura 2**).



**Figura 2.** Municípios com sequências genômicas do SARS-CoV-2 na rodada de sequenciamento do dia 28/11/2022, Bahia, Brasil.



Fonte: Gal Bahia.

Todos os genomas sequenciados correspondem à variante Ômicron, com as linhagens BA.2 e BE.9 representando 3,1% dos genomas analisados cada, a linhagem BA.5 e suas sublinhagens representando 14,1%, a linhagem recombinante XBB e suas sublinhagens representando 4,7% e a linhagem BQ.1 e suas sublinhagens representando 75,0%, conforme a **Tabela 1**.

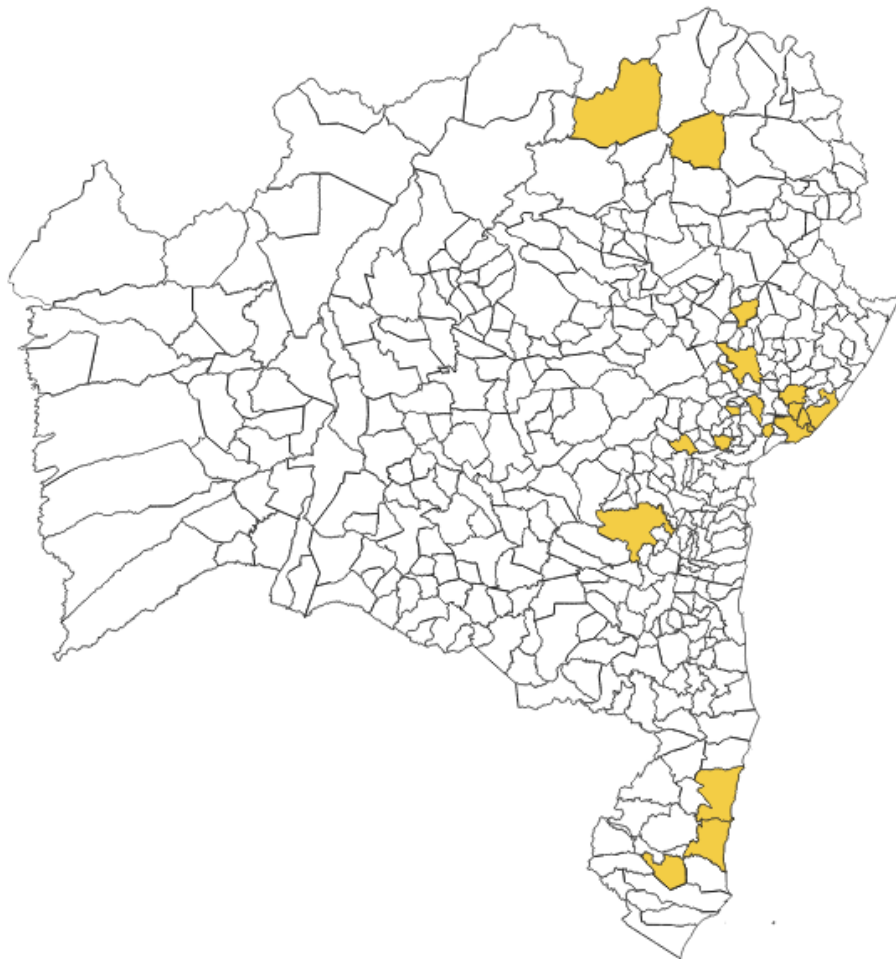
**Tabela 1.** Frequência das linhagens e sublinhagens do Sars-CoV-2 identificadas na rodada de sequenciamento do dia 28/11/2022 no estado da Bahia.

| LINHAGEM     | SUBLINHAGEM | n         | %          |
|--------------|-------------|-----------|------------|
| BA.2         | BA.2        | 02        | 3,1        |
| BA.5         | BA.5.1      | 04        | 6,2        |
|              | BA.5.3.1    | 05        | 7,8        |
| BE.9         | BE.9        | 02        | 3,1        |
| BQ.1         | BQ.1        | 12        | 18,8       |
|              | BQ.1.1      | 26        | 40,6       |
|              | BQ.1.22     | 09        | 14,1       |
|              | BQ.1.1.23   | 01        | 1,6        |
| XBB          | XBB         | 01        | 1,6        |
|              | XBB.1       | 02        | 3,1        |
| <b>Total</b> |             | <b>64</b> | <b>100</b> |

Fonte: GAL Bahia.

A linhagem BQ.1 e suas sublinhagens, representando 75% das amostras sequenciadas nesta rodada, foram provenientes de diversas cidades de algumas regiões da Bahia, conforme apresentado na **Figura 3**.

**Figura 3.** Municípios com sequências genômicas da linhagem BQ.1 do SARS-CoV-2 identificadas na rodada do dia 28/11/2022, Bahia, Brasil.

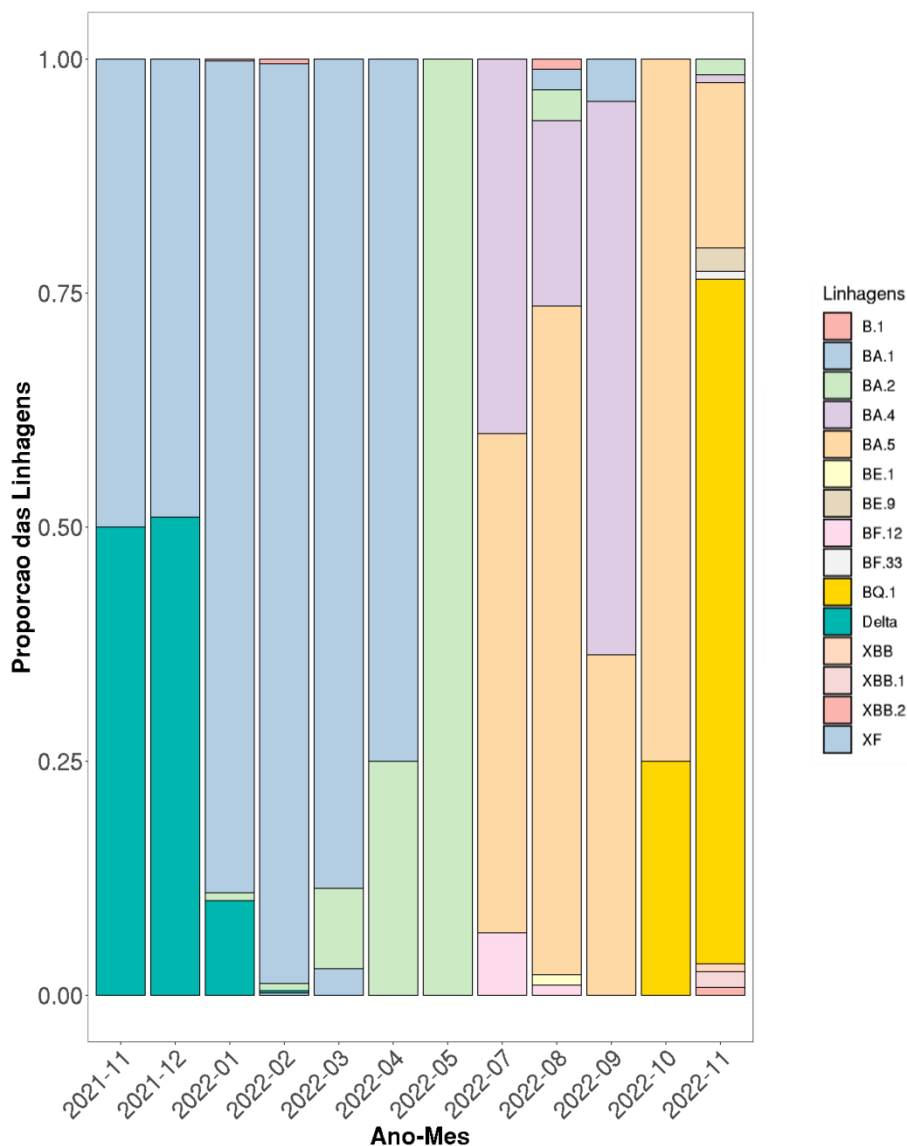


Fonte: Gal Bahia.

Em relação à distribuição da frequência das diferentes linhagens do SARS-CoV-2 na Bahia nos meses de outubro e novembro, observa-se um aumento da frequência da BQ.1 e suas sublinhagens no estado, correspondendo, no mês de novembro, a aproximadamente 75% dos genomas gerados pelo LACEN/BA (**Figura 4**).

**Figura 4.** 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, BA.1.9 e B.1.1.529; 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.1.22 e BQ.1.1.23.



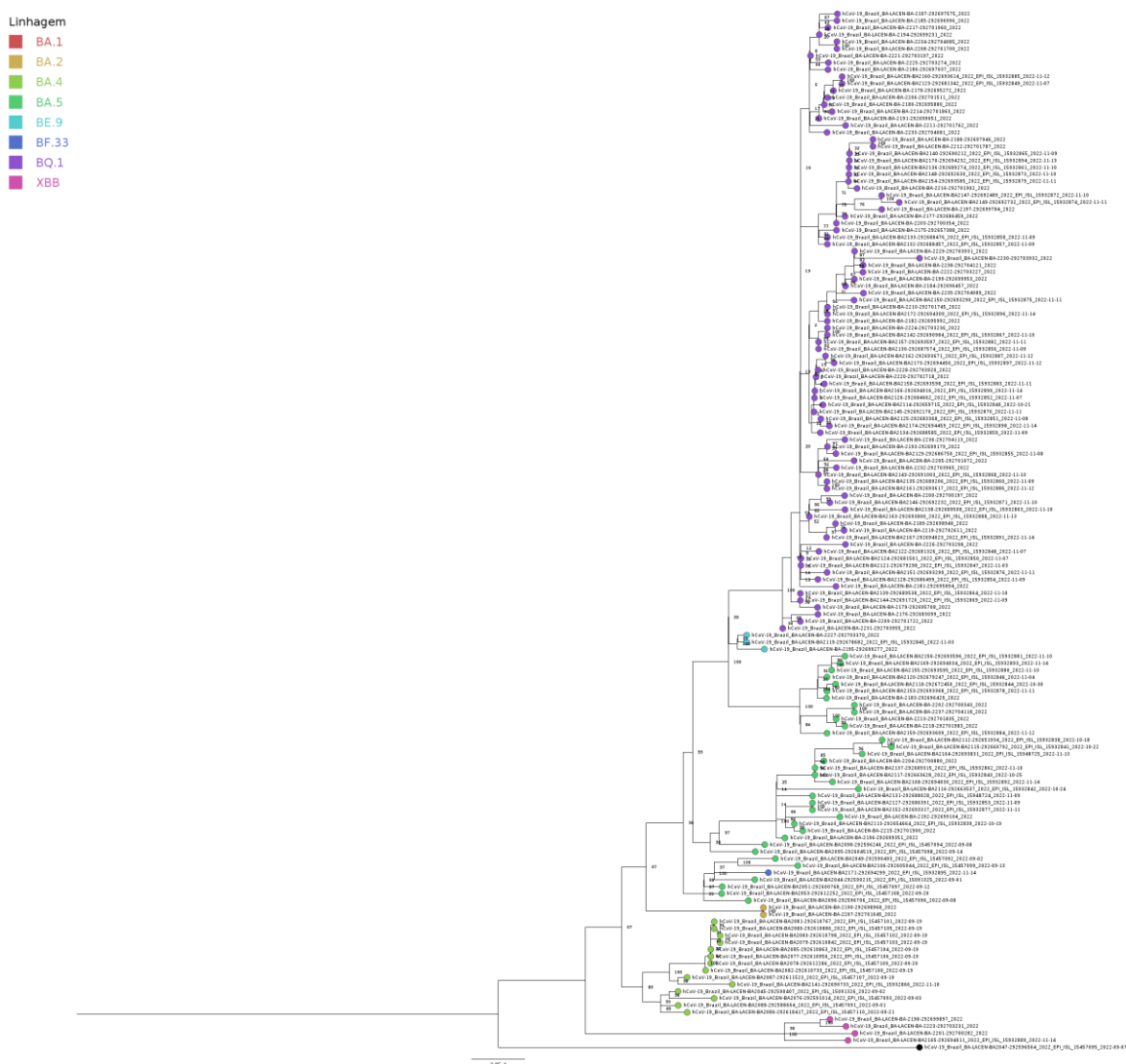
Fonte: GAL Bahia.

Os resultados obtidos até o momento demonstram a predominância da VOC Ômicron, destacando o aumento da frequência da linhagem BQ.1 e suas sublinhagens quando comparados os meses de outubro (SE40 a SE43) e novembro (SE44 a SE47), além da identificação de quatro genomas recombinantes da linhagem XBB e suas sublinhagens no período de 14/11/2022 a 18/11/2022 (SE46), em três localidades distintas na Bahia. Além disto, observa-se a presença de três

genomas da linhagem BE.9, identificada inicialmente em Manaus, na cidade de Salvador e região metropolitana, uma dessas amostras foi identificada na SE44 enquanto as outras duas na SE46.

Para análise filogenética, as sequências geradas pelo LACEN/BA no período de setembro a novembro de 2022 foram alinhadas utilizando o MAFFT (Kato et al, 2019) e posteriormente foram submetidas a identificação de sinal filogenético e análise filogenética por Máxima Verossimilhança utilizando o *software* IQTREE (Minh et al, 2020). O modelo evolutivo selecionado pelo Jmodeltest (Darriba et al, 2012), implementado no IQTREE, foi o TIM+F+I+G4. A árvore foi anotada de acordo com as linhagens e o resultado pode ser observado na **Figura 5**. O resultado é condizente com a análise realizada pelo Pangolin e Nextclade, demonstrando que as sequências das sublinhagens se agrupam de forma conjunta.

**Figura 5.** Reconstrução filogenética por máxima verossimilhança das sequências de SARS-CoV2 geradas no LACEN/BA nos meses de setembro a novembro de 2022.



Fonte: GAL Bahia.



Por fim, ratificamos que a mobilidade humana representa um fator crucial para a dispersão do SARS-CoV2, bem como dessas variantes, portanto o distanciamento social e medida de restrições ainda continuam sendo essenciais para tentarmos minimizar a circulação deste patógeno na Bahia.

## REFERÊNCIAS

Aksamentov, I. et al. *Nextclade: clade assignment, mutation calling and quality control for viral genomes*. Journal of Open Source Software, 6(67), 3773 2021.

Cleemput, S. et al. *"Genome Detective CoronavirusTyping Tool for rapid identification and characterization of novel coronavirus genomes."* Bioinformatics, 2020.

Darriba D, et al. *"jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing"*. Nat Methods. Jul 30;9(8):772 2012.

Katoh K, et al. *"MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization"* Briefings in Bioinformatics, Volume 20, Issue 4, Pages 1160–1166 2019.

Minh BQ, et al. *"IQ-TREE 2: New models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era."* Mol. Biol. Evol., 37:1530-1534., 2020.

O'Tool, A. et al. *"Assignment of epidemiological lineages in an emerging pandemic using the pangolin tool"* Virus Evolution DOI:10.1093/ve/veab064, 2021.

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.

Vilsker M, et al. *"Genome Detective: an automated system for virus identification from high-throughput sequencing data"*. Birol I, editor. Bioinformatics. 35(5):871–3 2019.

## **Editorial Boletim Informativo Sequenciamento SARS-CoV-2**

**LACEN/BA – EDIÇÃO 06 –02.12.2022**

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