

Boletim Informativo

SEQUENCIAMENTO SARS-CoV-2



Edição nº 01/2023

 LACEN/BA
Laboratório Central de Saúde Pública

SUS 

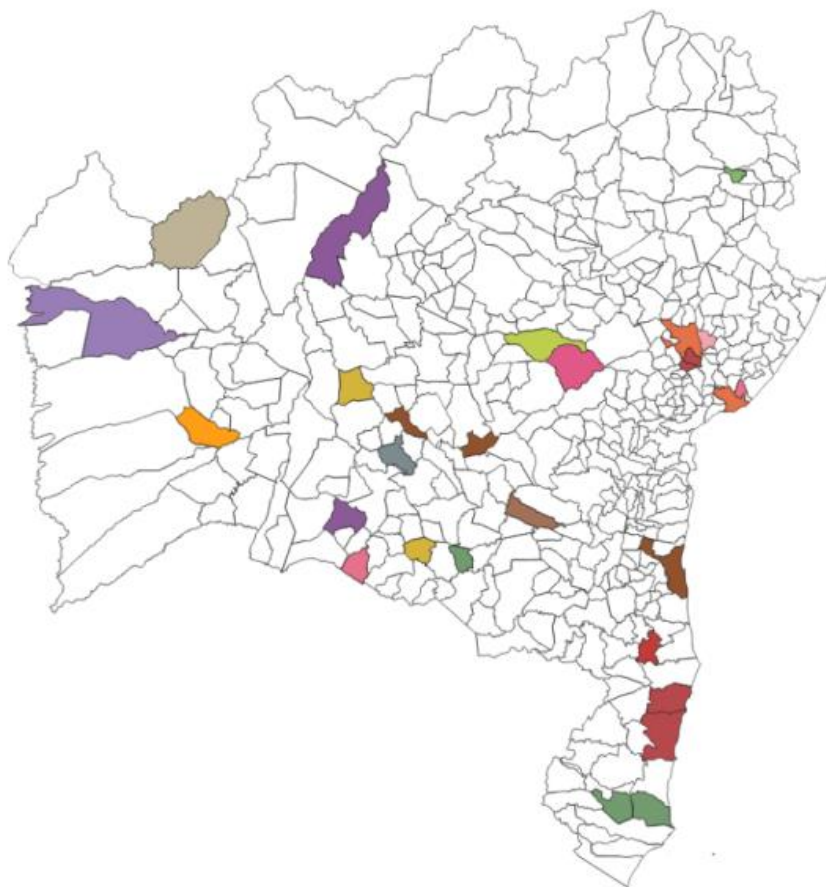
GOVERNO DO ESTADO
 SECRETARIA
DA SAÚDE

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

Durante o mês de janeiro 2023 o LACEN/BA foi responsável pelo sequenciamento de **36 genomas** completos do SARS-CoV-2 que foram gerados de amostras provenientes de diversas cidades de oito Núcleos Regionais de Saúde da Bahia: Sul (8,3%), Leste (11,1%), Sudoeste (30,6%), Oeste (11,1%), Nordeste (2,8%), Centro-Norte (2,8%), Centro-Leste (22,2%) e Extremo Sul (11,1%) (**Figura 1**).

Figura 1. Municípios com sequências genômicas do SARS-CoV-2 no ano de 2023, 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. Todos os genomas foram sequenciados no equipamento Ion Genestudio S5 Plus da Thermo Fisher Scientific.

Para identificação das linhagens todas as sequências foram analisadas utilizando o *Geneious* Software (Kearse et al, 2012), que realiza a análise de qualidade e limpeza das leituras, seguida da montagem da sequência consenso do vírus utilizando a abordagem de mapeamento para referência. Em seguida, estas sequências foram curadas e submetidas a análise pelo *Next Clade* (Aksamentov et al, 2021) e Pangolin (O'Toole et al, 2021) para determinação da linhagem do SARS-CoV-2 (Rambaut et al, 2020). Nas rodadas de sequenciamento realizadas pelo LACEN/BA desde o final de 2022 é incluído um controle negativo conforme NOTA TÉCNICA Nº 114/2022-CGLAB/DAEVS/SVS/MS, e os resultados são analisados apenas se esse controle atender aos aspectos descritos na nota.

Todas as sequências geradas pelo LACEN/BA foram classificadas e a frequência das linhagens estão descritas na Tabela 1. Neste mês foram identificadas exclusivamente amostras pertencentes a VOC Ômicron. Cerca de 80% das amostras eram pertencentes a linhagem BQ.1 e suas sub linhagens. Duas amostras (6%) foram pertencentes a linhagem BE.10 e uma amostra (3%) pertencente a linhagem DL.1. Foram identificadas quatro amostras recombinantes (11%), destas três foram classificadas como XBB.1 e uma foi classificada como XBB.1.5, sendo esta última a primeira recombinante dessa linhagem identificada na região Nordeste, detectada na cidade de Teixeira de Freitas.

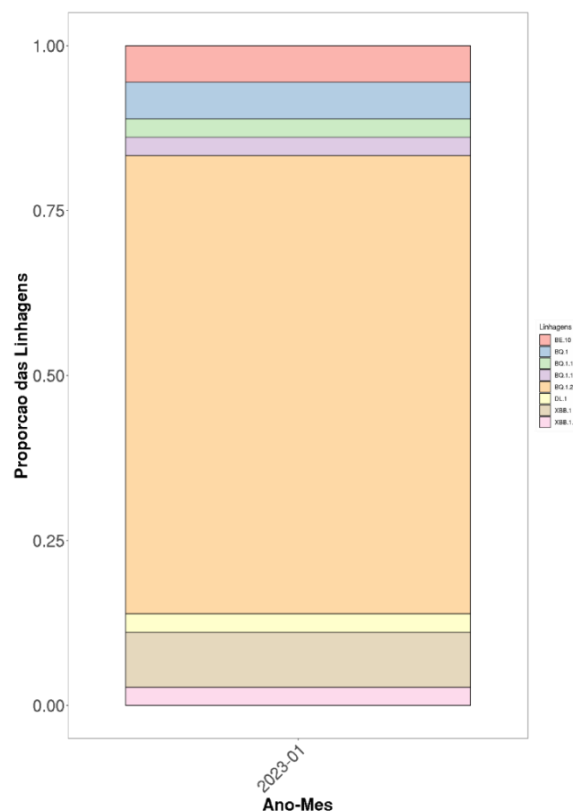
Tabela 1. Frequência das linhagens e sub-linhagens do Sars-CoV-2 identificadas durante o mês de janeiro de 2023 pelo LACEN/BA no estado da Bahia. Fonte: GAL Bahia.

Linhagem	Sub-linhagem	n	%
BE.10	BE.10	2	5,55%
BQ.1	BQ.1	2	5,55%
	BQ.1.1	1	2,8%
	BQ.1.22	25	69,4%
	BQ.1.1.23	1	2,8%
DL.1	DL.1	1	2,8%
XBB	XBB.1	3	8,3%
	XBB.1.5	1	2,8%
Total		36	100

Fonte: GAL Bahia.

É observado durante o período de janeiro que todas as sequências são referentes às linhagens da VOC Ômicron, que já é majoritária no mundo e na Bahia há mais de um ano. É observado a maior frequência da linhagem BQ.1 e suas sub-linhagens, que predominam no estado desde o mês de novembro. Interessantemente é observado um aumento da presença da recombinante XBB e suas sub-linhagens na Bahia (**Figura 3**).

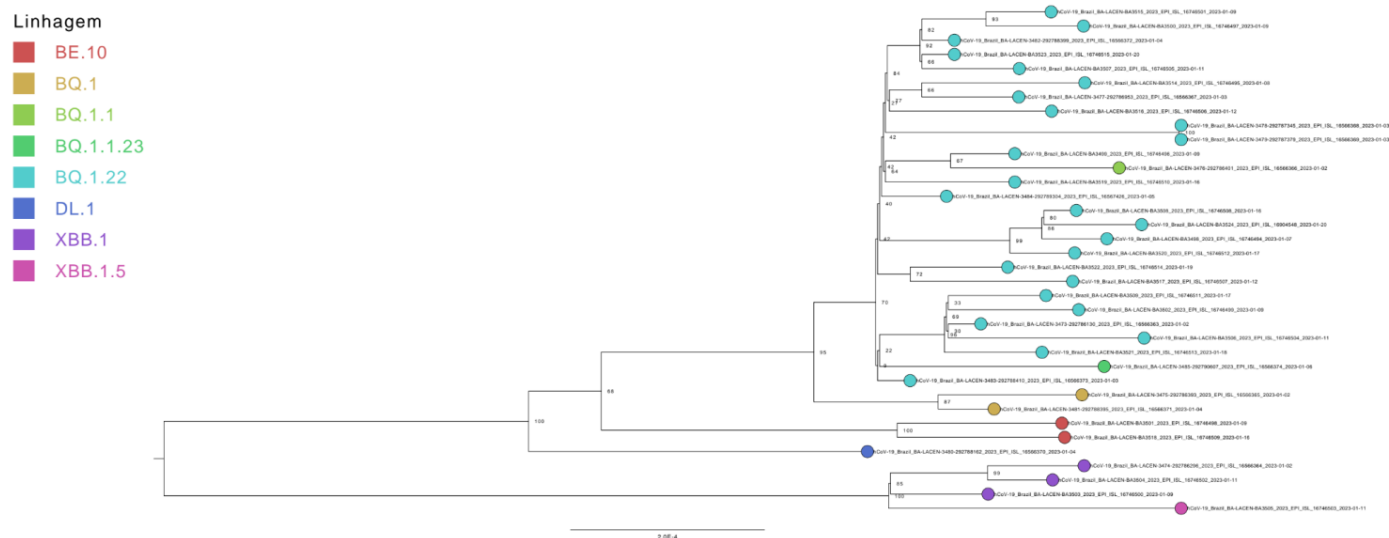
Figura 3. Frequência e distribuição das linhagens do SARS-CoV-2 identificadas durante o mês de janeiro de 2023 pelo LACEN/BA no estado da Bahia.



Fonte: GAL Bahia.

Para análise filogenética, as sequências geradas pelo LACEN/BA no ano de 2022 foram alinhadas utilizando o MAFFT (Kato et al, 2019) e posteriormente foram submetidas à identificação de sinal filogenético e análise filogenética por *maximum likelihood* utilizando o software IQTREE (Minh et al, 2020). O modelo evolutivo selecionado pelo Jmodeltest (Darriba et al, 2012), implementado no IQTREE, foi o GTR+F+I+G4. A árvore foi anotada de acordo com as linhagens e o resultado pode ser observado na Figura 4. O resultado é condizente com a análise realizada pelo Pangolin e *Nextclade* e demonstra as sequências das linhagens e sub-linhagens se agrupando de forma conjunta com suporte estatístico de *bootstrap*.

Figura 5. Reconstrução filogenética por maximum likelihood de 36 sequências de SARS-CoV-2 geradas no LACEN/BA no ano de 2023.



Fonte: GISAID.

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 medidas de restrição 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.

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

Kearse M, *et al.* Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*. 2012 Jun 15;28(12):1647-9. doi: 10.1093/bioinformatics/bts199. Epub 2012 Apr 27. PMID: 22543367; PMCID: PMC3371832.

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.

Editorial Boletim Informativo Sequenciamento SARS-CoV-2 LACEN/BA –

EDIÇÃO 01/2023 – 15.03.2023

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
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
Filipe Ferreira de Almeida Rego

Edição:
Mariana Nossa Aragão