

Boletim Informativo

SEQUENCIAMENTO SARS-CoV-2



Edição nº 02/2023

 LACEN/BA
Laboratório Central de Saúde Pública

 SUS

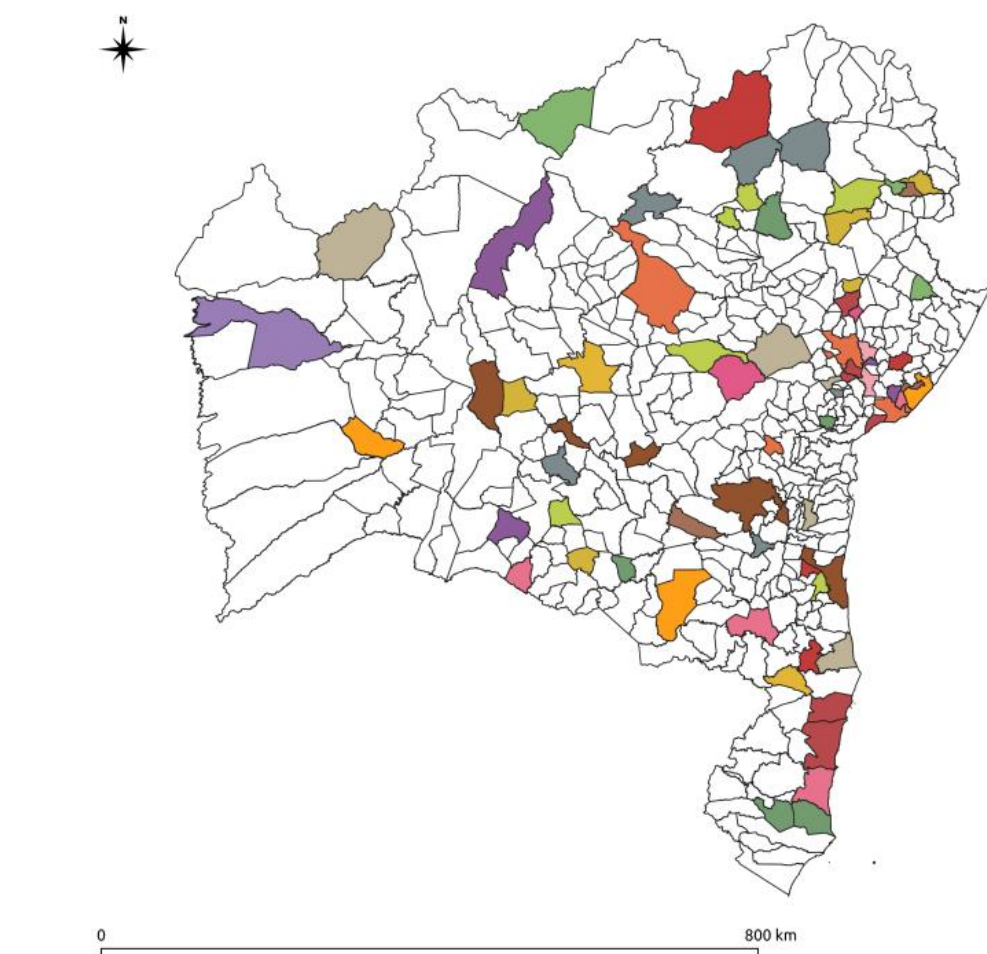
GOVERNO DO ESTADO
 BAHIA
SECRETARIA
DA SAÚDE

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

Durante o ano de 2023, até o presente momento, o LACEN/BA realizou o sequenciamento de 170 genomas completos do SARS-CoV-2 que foram gerados de amostras provenientes de diversas cidades dos nove Núcleos Regionais de Saúde da Bahia: Sul (3,5%), Leste (66,1%), Sudoeste (6,4%), Oeste (4,1%), Nordeste (1,2%), Centro-Norte (1,2%), Centro-Leste (11,1%), Extremo Sul (4,7%) e Norte (1,8%) (**Figura 1**).

Figura 1. Municípios com sequências genômicas do SARS-CoV-2 no ano de 2023, Bahia, Brasil.



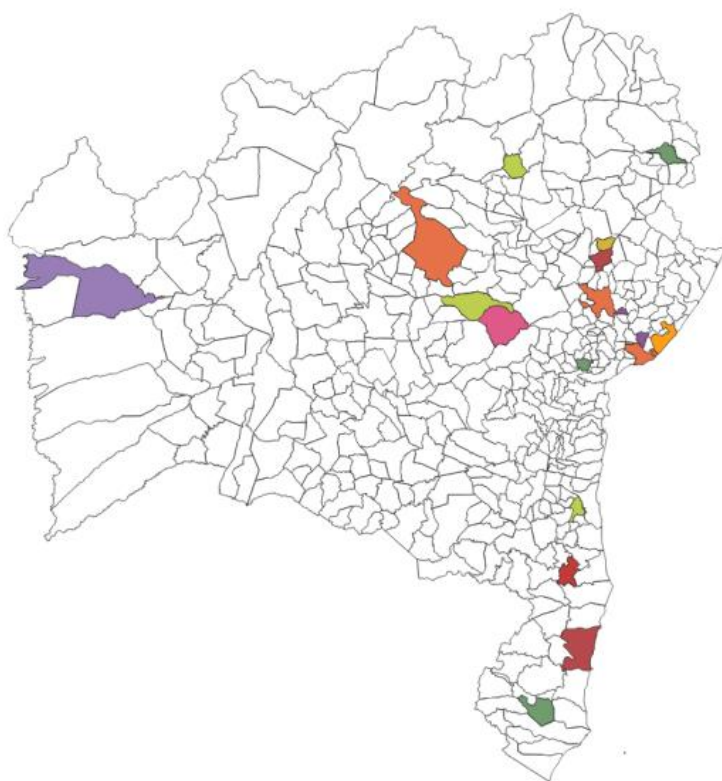
Fonte: GAL Bahia

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. Os genomas foram sequenciados no equipamento Ion Genestudio S5 Plus da Thermo Fisher Scientific e na plataforma MiSeq da Illumina.

Na rodada de sequenciamento do dia 24/03/2023 foram gerados 70 genomas completos do SARS-CoV-2 pela metodologia de MiSeq, sendo todos os genomas relativos ao mês de março de 2023, coletados entre os dias 06/03/2023 e 18/03/2023 (SE10 e SE11) de algumas cidades da Bahia (**Figura 2**).

Figura 2. Municípios com sequências genômicas do SARS-CoV-2 na rodada de sequenciamento do dia 13/03/2023, Bahia, Brasil.



Fonte: Gal Bahia

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 *NextClade* (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 referida Nota.

Todas as sequências geradas pelo LACEN/BA foram classificadas e a frequência das linhagens estão descritas na Tabela 1. Neste ano foram identificadas exclusivamente amostras pertencentes a VOC Ômicron.

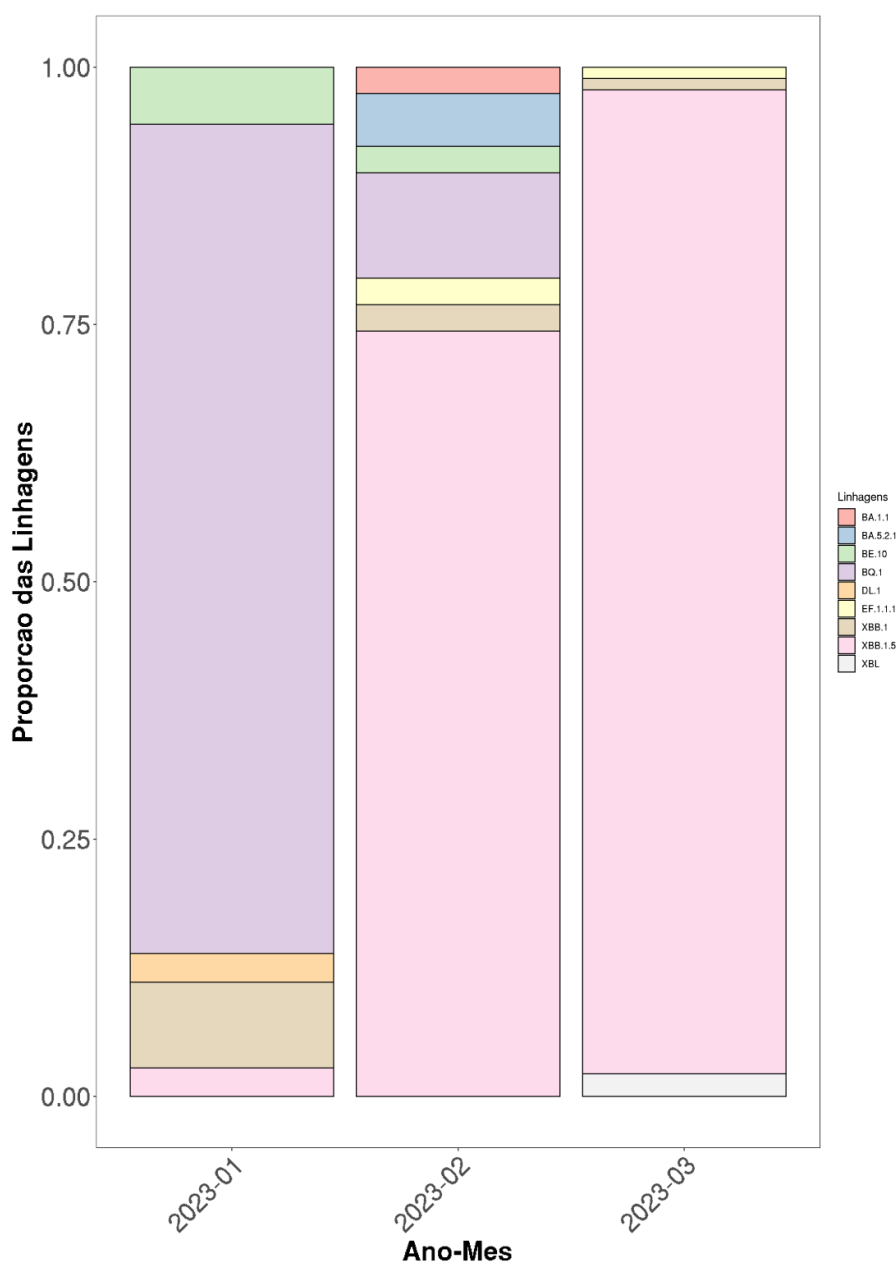
Tabela 1. Frequência das linhagens e sublinhagens do Sars-CoV-2 identificadas durante o ano de 2023 pelo LACEN/BA no estado da Bahia.

Linhagem	Sublinhagem	n	%
BE.10	BE.10	3	1,8%
BQ.1	BQ.1	6	3,5%
	BQ.1.1	1	0,6%
	BQ.1.22	25	14,7%
	BQ.1.1.23	1	0,6%
BA.1.1	BA.1.1	1	0,6%
BA.5.2.1	BA.5.2.1	2	1,2%
DL.1	DL.1	1	0,6%
XBL	XBL	2	1,2%
EFF.1.1.1	EFF.1.1.1	2	1,2%
XBB	XBB.1	5	2,9%
	XBB.1.5	121	71,1%
Total		170	100

Fonte: GAL Bahia.

É observada uma mudança no perfil das linhagens circulantes, onde a linhagem BQ.1 e suas sublinhagens deixam de ser predominantes para dar espaço a linhagem recombinante XBB.1.5, representando mais de 90% de todas as sequências geradas durante o mês de março. Além disso, é observado o aparecimento de duas sequências da linhagem recombinante XBL em Salvador na SE11, sendo as primeiras sequências desta linhagem descritas no Brasil (**Figura 3**).

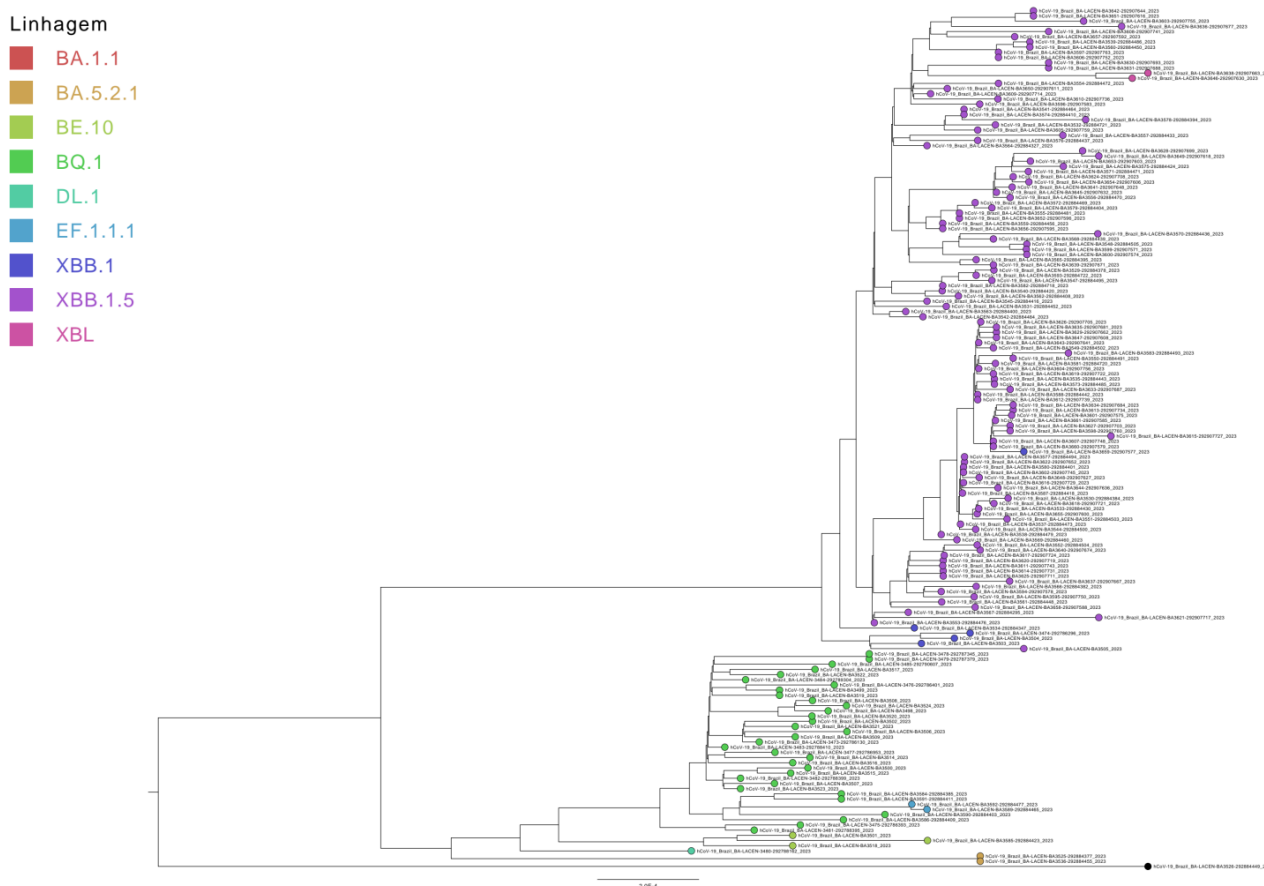
Figura 3. Frequência e distribuição das linhagens do SARS-CoV-2 identificadas durante o ano de 2023 pelo LACEN/BA no estado da Bahia.



Fonte: GAL Bahia.

Para análise filogenética, as sequências geradas pelo LACEN/BA no ano de 2023 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 TIM2+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 sublinhagens se agrupando de forma conjunta.

Figura 4. Reconstrução filogenética por maximum likelihood de 170 sequências do 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 02/2023 – 10.04.2023**

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
Gabriela Sant’Ana Menezes
Filipe Ferreira de Almeida Rego
Taise Lima de Oliveira Cerqueira

Análise dos dados e elaboração:
Felicidade Mota Pereira
Vanessa Brandão Nardy
Gabriela Sant’Ana Menezes
Filipe Ferreira de Almeida Rego
Taise Lima de Oliveira Cerqueira

Edição:
Mariana Nossa Aragão