

Boletim Informativo

VIGILÂNCIA GENÔMICA SARS-CoV-2

Edição nº 02/2024

LOCEN/BA
Laboratório Central de Saúde Pública



GOVERNO DO ESTADO
BAHIA

SECRETARIA
DA SAÚDE

Relatório da vigilância laboratorial, dos resultados parciais referentes ao sequenciamento de Nova Geração das amostras de SARS-CoV-2 realizado no Laboratório Central de Saúde Pública Prof^o Gonçalo Moniz – LACEN/BA

Vigilância Laboratorial

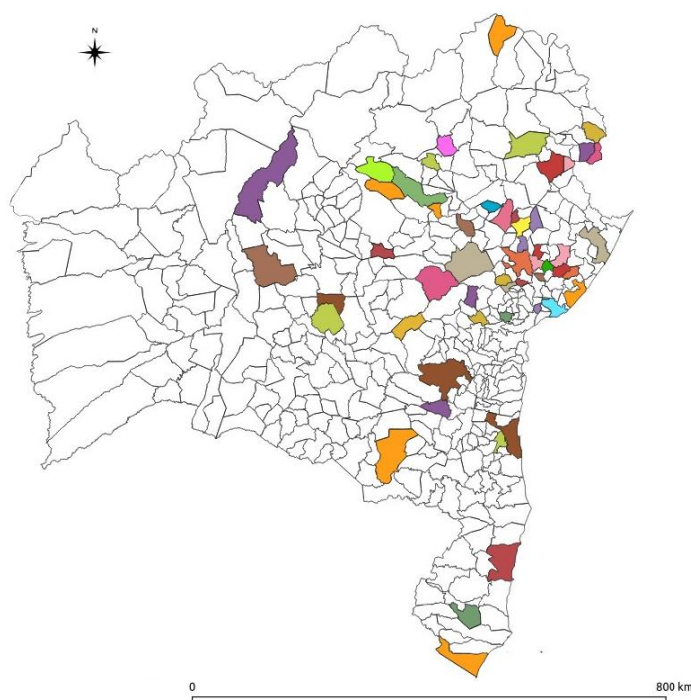
O presente Boletim tem por finalidade apresentar dados sobre a vigilância genômica de SARS-Cov-2 no Estado da Bahia. O vírus SARS-CoV-2 continua circulando em todo o mundo e se tornou um problema de saúde pública, necessitando de monitoramento constante, uma vez que o surgimento de novas variantes, podem a qualquer momento mudar o cenário epidemiológico da Covid-19. A implementação da vigilância genômica de forma rotineira, tem por finalidade aumentar a quantidade de dados de sequenciamento disponíveis globalmente que poderão contribuir para o desenvolvimento de protocolos diagnósticos, gerar informações para o desenvolvimento de vacinas e na compreensão da evolução molecular e nos padrões epidemiológicos do vírus.

Esses dados gerados sobre as informações genéticas do vírus SARS-CoV-2 são compartilhados oportunamente através da plataforma internacional de dados genômicos *Global Initiative on Sharing All Influenza Data* (GISAID), onde ficam disponíveis para cientistas e pesquisadores de todo o mundo.

Monitoramento Genômico de SARS-CoV-2

Durante os dois primeiros meses de 2024, o LACEN/BA foi responsável pelo sequenciamento de 149 genomas completos do SARS-CoV-2 de amostras provenientes de diversas cidades de nove Núcleos Regionais de Saúde da Bahia: Sul, Leste, Sudoeste, Oeste, Nordeste, Centro-Norte, Centro-Leste, Extremo Sul e Norte (**Figura 1**). Dentre estes, 11 genomas foram procedentes de óbitos coletados entre novembro e dezembro de 2023.

Figura 1. Municípios com sequências genômicas do SARS-CoV-2 durante os dois primeiros meses de 2024 e óbitos de novembro/dezembro de 2023, Bahia, Brasil.



Fonte: GAL/BA.

As amostras sequenciadas foram selecionadas, seguindo os 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 (que apresentem *cycle threshold* - CT <30); 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 referenciado acima de 2024 (semanas epidemiológicas 1 a 7) e 2023 (óbitos de novembro e dezembro), foram sequenciados com tecnologia de sequenciamento de nova geração na plataforma MiSeq da Illumina® apresentando em sua maioria cobertura superior a 99% do genoma total.

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 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). As frequências das linhagens identificadas estão descritas na Tabela 1. No ano de 2024, foram identificadas exclusivamente amostras pertencentes à VOC Ômicron.

Tabela 1. Frequência das linhagens e sublinhagens do SARS-CoV-2 identificadas durante os dois primeiros meses de 2024 e óbitos de novembro/dezembro de 2023 pelo LACEN, no estado da Bahia.

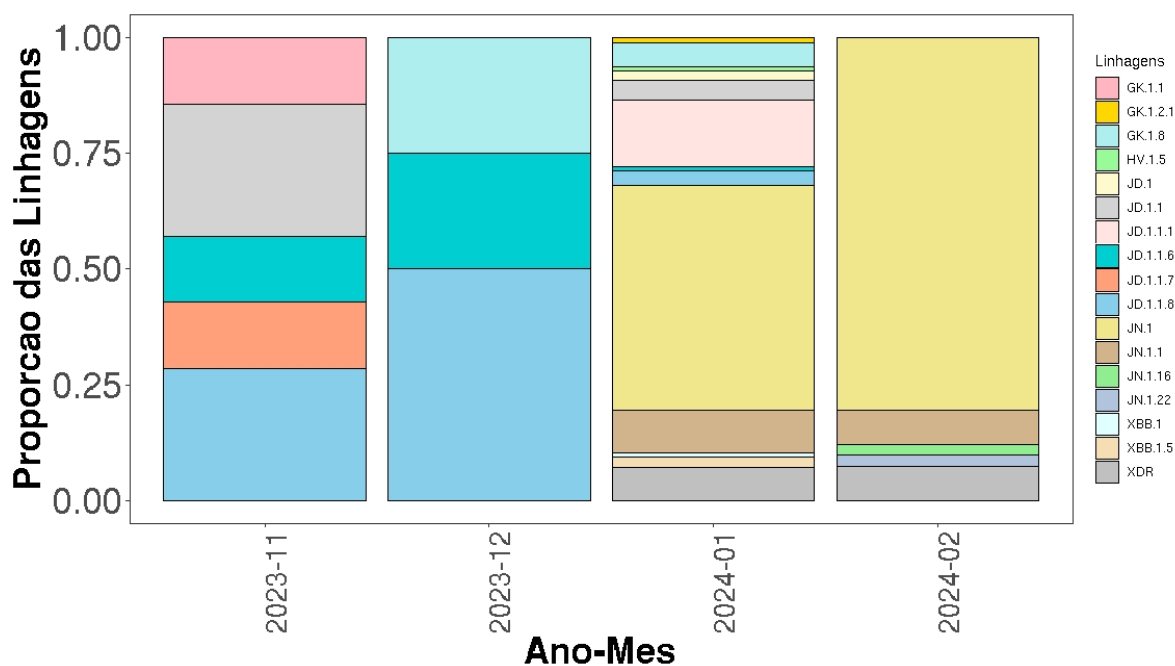
Linhagem	Sublinhagem	n	%
JD.1 (Omicron)	JD.1	2	1,33%
	JD.1.1	6	4,00%
	JD.1.1.1	14	9,33%
	JD.1.1.6	3	2,00%
	JD.1.1.7	1	0,67%
	JD.1.1.8	7	4,67%
JN.1(Omicron)	JN.1.16	1	0,67%
	JN.1.22	1	0,67%
	JN.1	80	53,33%
	JN.1.1	12	8,00%
GK.1(Omicron)	GK.1.1	1	0,67%
	GK.1.2.1	1	0,67%
	GK.1.8	6	4,00%
HV.1(Omicron)	HV.1.5	1	0,67%
XBB	XBB.1	1	0,67%
	XBB1.5	2	1,33%
XDR	XDR	10	6,67%
Total		150	100%

Dentre as linhagens circulantes durante os dois primeiros meses de 2024 e 11 amostras de óbitos ocorrido entre os meses de novembro e dezembro de 2023, observamos a prevalência da linhagem JN.1 que juntamente com suas sublinhagens corresponderam a quase 60% dos genomas sequenciados. Segundo o Informe Epidemiológico da Vigilância das Síndromes Gripais do

ministério da saúde em 12 de março de 2024, foi observada a predominância da JN.1 nas amostras sequenciadas entre as unidades federadas. A linhagem JN.1 vêm elevando o número de casos em diversos países e alguns estados do Brasil, estando em alerta pelas autoridades de saúde devido a esta sua alta difusão.

A linhagem JD.1 e suas sublinhagens, a qual predominou durante o ano de 2023, mantém-se em circulação, porém apresentando uma redução importante no início do ano de 2024 (**Figura 2**). Outra variante que merece destaque é a XDR, com 6,67% dos sequenciamentos, esta linhagem originou-se da combinação dos genes de sublinhagens da VOI XBB.1.5 e da VOI JN.1. Inicialmente esses sequenciamentos foram classificados como BA.2.86.1, JN.1 e XDK. Porém, em fevereiro de 2024, os sistemas de classificação Pango *Lineage* e *Nextclade* definiram em consenso a reclassificados desses sequenciamentos como linhagem XDR.

Figura 2. Frequência e distribuição das linhagens do SARS-CoV-2 identificadas durante os dois primeiros meses de 2024 e óbitos de novembro/dezembro de 2023 pelo LACEN/BA no estado da Bahia.



Fonte: GAL/BA.

A mobilidade humana representa um fator crucial para a circulação do SARS-CoV-2, bem como dessas variantes, portanto o distanciamento social e medidas de restrição ainda continuam sendo essenciais para tentarmos minimizar a circulação deste patógeno. Por essa razão reafirmamos a necessidade da constante prática da vigilância genômica do Sars-CoV-2 não apenas no país como no mundo, uma vez que esse vírus permanece em dispersão.

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.

Informe Epidemiológico da Vigilância das Síndromes Gripais, 2024. Disponível em: Apresentação do PowerPoint (www.gov.br).

Editorial Boletim Informativo Vigilância Genômica – SARS-CoV-2

LACEN/BA – EDIÇÃO nº 02/2024 – 28.03.2024

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:
Vanessa Brandão Nardy
Marcela Kelly Astete Gómez

Análise dos dados e elaboração:
Felicidade Mota Pereira
Vanessa Brandão Nardy
Marcela Kelly Astete Gómez

Colaboração nas análises:
Vagner Fonseca

Edição:
Mariana Nossa Aragão