

Boletim Informativo

VIGILÂNCIA GENÔMICA SARS-CoV-2

Edição nº 03/2024

LACEN/BA
Laboratório Central de Saúde Pública



GOVERNO DO ESTADO



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 Profº Gonçalo Moniz – LACEN/BA

Vigilância Laboratorial

O Boletim atual visa apresentar informações sobre a vigilância genômica do 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.

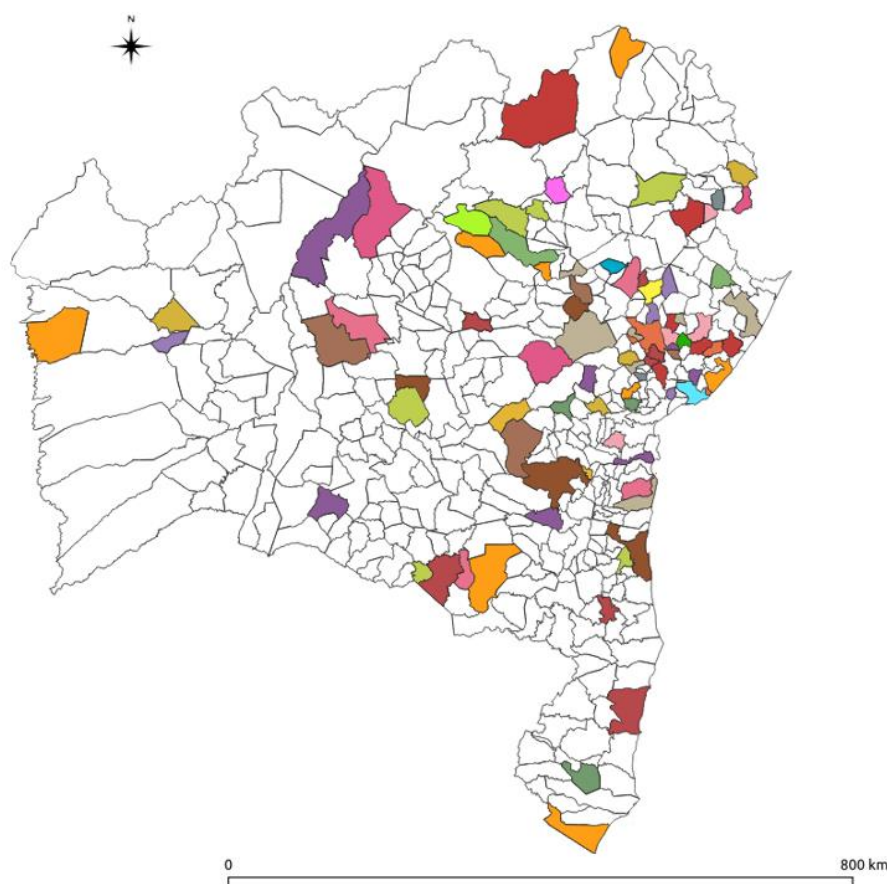
A implementação regular da vigilância genômica visa ampliar a disponibilidade de dados de sequenciamento em nível global. Esses dados são fundamentais para o desenvolvimento de protocolos diagnósticos mais eficazes, gerando informações para o desenvolvimento de vacinas e na compreensão da evolução molecular e nos padrões epidemiológicos do vírus.

Os 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 primeiros quatro meses de 2024, o Laboratório Central de Saúde Pública da Bahia (LACEN/BA) realizou o sequenciamento de **229 genomas completos do SARS-CoV-2**. Essas amostras foram coletadas em diversas cidades pertencentes a nove Núcleos Regionais de Saúde da Bahia: Sul, Leste, Sudoeste, Oeste, Nordeste, Centro-Norte, Centro-Leste, Extremo Sul e Norte (**Figura 1**). Entre esses genomas, 12 não apresentaram um número suficiente de leituras para a designação das linhagens, e 32 foram sequenciados a partir de amostras de indivíduos que vieram a óbito. Dentre essas amostras, 11 foram coletadas entre novembro e dezembro de 2023.

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



Fonte: GAL/BA.

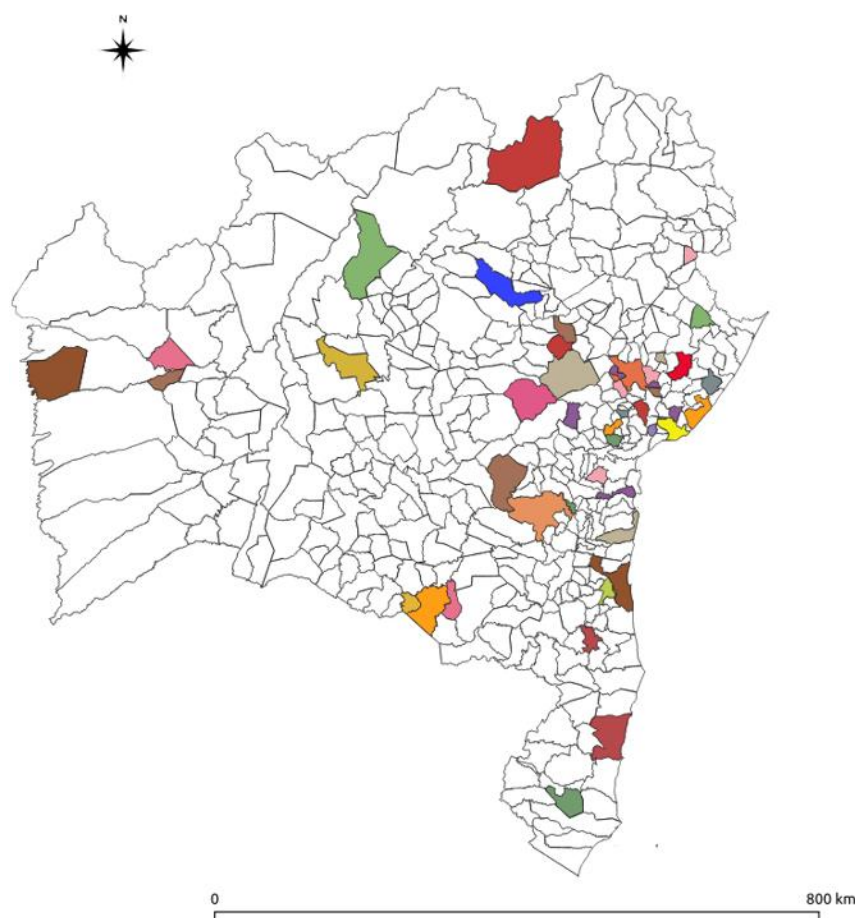
As amostras sequenciadas foram selecionadas, seguindo os seguintes critérios: suspeitas e/ou contatos de VOC (do inglês *Variants of concern*, variantes de preocupação/atenção) e VOI (do inglês *Variants of interest*, variantes de interesse) informados pela vigilância; surtos, tripulantes de navio, casos 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 16) e 2023 (óbitos de novembro e dezembro), foram sequenciados com tecnologia de sequenciamento de nova geração nas plataformas Ion Genestudio S5 Plus da

Thermo Fisher Scientific e MiSeq da Illumina[®], apresentando em sua maioria cobertura superior a 99% do genoma total.

Na rodada de sequenciamento realizada nos meses de março e abril de 2024, foram obtidos 61 genomas completos do SARS-CoV-2 utilizando a metodologia de Ion Torrent. Esses genomas foram coletados entre os dias 05/02/2024 e 15/04/2024 (SE6 a SE16) de algumas cidades da Bahia (Figura 2).

Figura 2. Municípios com sequências genômicas do SARS-CoV-2 que foram sequenciados nos meses de março e abril de 2024, Bahia, Brasil.



Fonte: GAL/BA.

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 e recombinantes.

Tabela 1. Frequência das linhagens e sublinhagens do SARS-CoV-2 identificadas durante os quatro primeiros meses de 2024, no Laboratório Central de Saúde Pública/ LACEN da Bahia.

Linhagem	Sublinhagem	n	%
JD.1 (Omicron)	JD.1	2	0,92
	JD.1.1	6	2,76
	JD.1.1.1	14	6,45
	JD.1.1.6	3	1,38
	JD.1.1.7	1	0,46
	JD.1.1.8	7	3,23
JN.1(Omicron)	JN.1	128	58,99
	JN.1.1	14	6,45
	JN.1.4	1	0,46
	JN.1.16	1	0,46
	JN.1.22	1	0,46
JN.2(Omicron)	JN.2.5	1	0,46
GK.1(Omicron)	GK.1.1	1	0,46
	GK.1.2.1	1	0,46
	GK.1.8	6	2,76
HV.1(Omicron)	HV.1.5	1	0,46
XBB	XBB.1	1	0,46
	XBB1.5	2	0,92
XDK	XDK	16	7,37
XDR	XDR	10	4,61
Total		217	100%

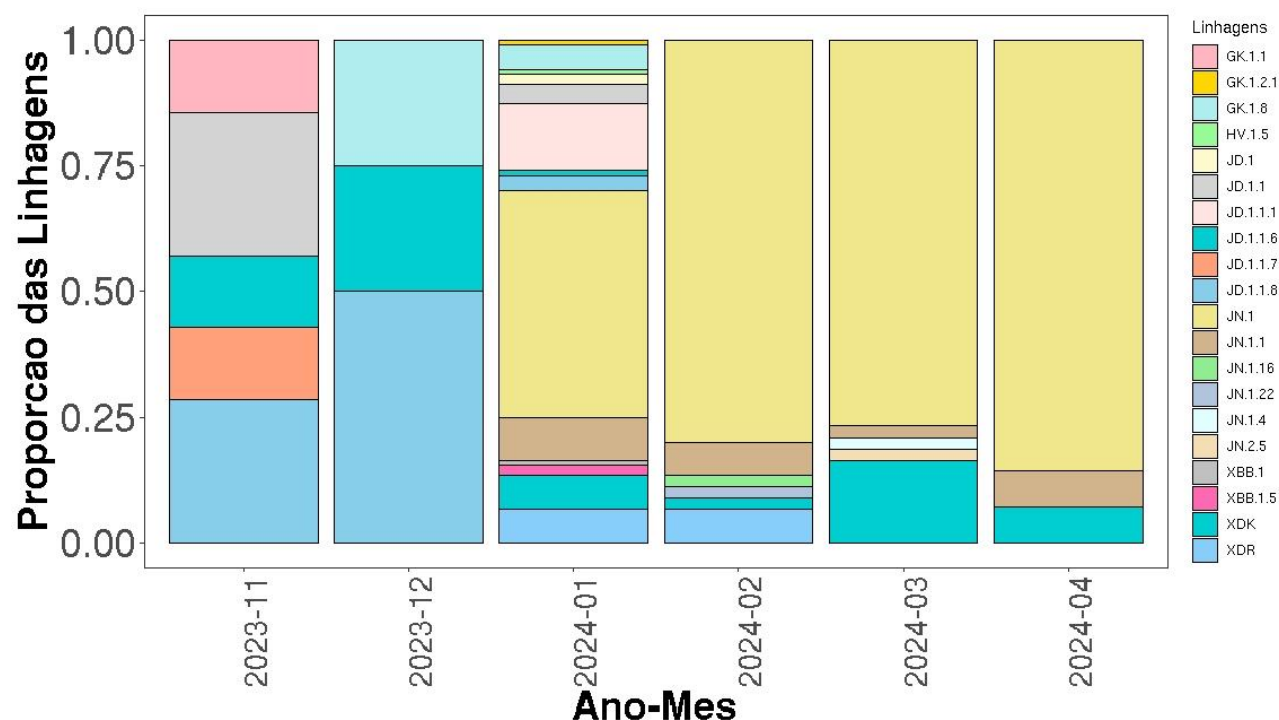
Fonte: GAL/BA.

Dentre as linhagens circulantes durante os quatro primeiros meses de 2024 e 11 amostras de óbitos ocorridos entre os meses de novembro e dezembro de 2023, observamos a prevalência da linhagem JN.1 que juntamente com suas sublinhagens corresponderam a quase 67% 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 mantendo sua predominância no número de casos em diversos países e alguns estados do Brasil, estando em alerta pelas autoridades de saúde devido a esta sua alta difusão.

Outras sublinhagens que merecem atenção são as recombinantes XDR e XDK, com 12% dos sequenciamentos, estas sublinhagens possuem origem da combinação das sublinhagens (JD.1.1.1/ JN.1.1) e (XBB.1.16.11/JN.1.1.1) respectivamente. A recombinante XDR, que foi

detectada principalmente no Brasil, vem apresentando, em outros estados (Arantes I *et al*, 2023), um nível de transmissibilidade mais alto do que suas linhagens parentais das XBB e está se espalhando com uma taxa semelhante as da linhagem JN.1. Embora represente apenas 4,6% dos casos em nossos resultados, é crucial manter um monitoramento contínuo desta recombinação.

Figura 3. Frequência e distribuição das linhagens do SARS-CoV-2 identificadas durante os quatro 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.

Siqueira M, Resende P, Bello G *et al.* *Rapid spread of the SARS-CoV-2 Omicron XDR lineage derived from recombination between XBB and BA.2.86 subvariants circulating in Brazil in late 2023*. MedRxiv. doi: <https://doi.org/10.1101/2024.05.07.24306998>.

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 03/2024 – 31.05.2024

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

Edição:
Mariana Nossa Aragão