

Boletim Informativo

Vigilância Genômica SARS-CoV-2

Edição nº 02/2025

LACEN/BA
Laboratório Central de Saúde Pública



GOVERNO DO ESTADO
BAHIA

SECRETARIA
DA SAÚDE

Relatório da Vigilância Genômica do SARS-CoV-2

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 pode a qualquer momento mudar o cenário epidemiológico da COVID-19.

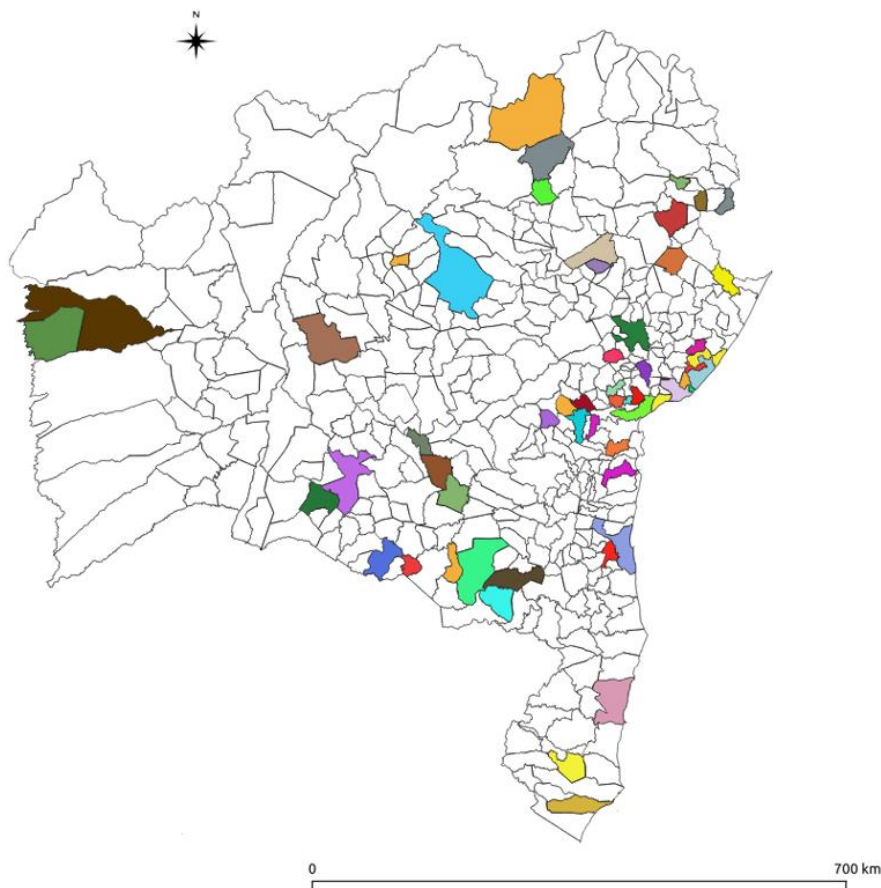
A implementação da vigilância genômica de forma rotineira, tem por finalidade aumentar a quantidade de dados de sequenciamento disponíveis globalmente, o que, por consequência, contribui para o desenvolvimento de protocolos diagnósticos, para geração de informações que colaboram no desenvolvimento de vacinas e para a compreensão da evolução molecular do vírus. Além disso, ao que se diz sobre o Sars-CoV-2, a Vigilância Genômica é uma ferramenta crucial para o monitoramento da dispersão das VOCs (do inglês *Variants of concern*, variantes de preocupação/atenção) e VOIs (do inglês *Variants of interest*, variantes de interesse), tal como a detecção da introdução de novas sublinhagens no estado da Bahia.

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 meses de dezembro de 2024 a maio de 2025, o Lacen/Ba foi responsável pelo sequenciamento de 144 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).

Figura 1. Municípios com sequências genômicas do SARS-CoV-2 durante os meses de dezembro de 2024 a abril de 2025, 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 e 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 dezembro de 2024 a abril de 2025 (semanas epidemiológicas 49 a 52 de 2024/ 1 a 15 de 2025), 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. Das 144 amostras sequenciadas, apenas 3 não

apresentaram um número suficiente de *reads*, ou seja, não apresentaram uma quantidade satisfatória de fragmentos que se alinham ao genoma de referência, não sendo possível a determinação de linhagem.

Para designação das linhagens todas as sequências foram analisadas utilizando o *Geneious Prime 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 por 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 determinar a linhagem do SARS-CoV-2 (Rambaut *et al*, 2020). As frequências das linhagens identificadas no período de dezembro de 2024 a abril de 2025 estão descritas abaixo na Tabela 1.

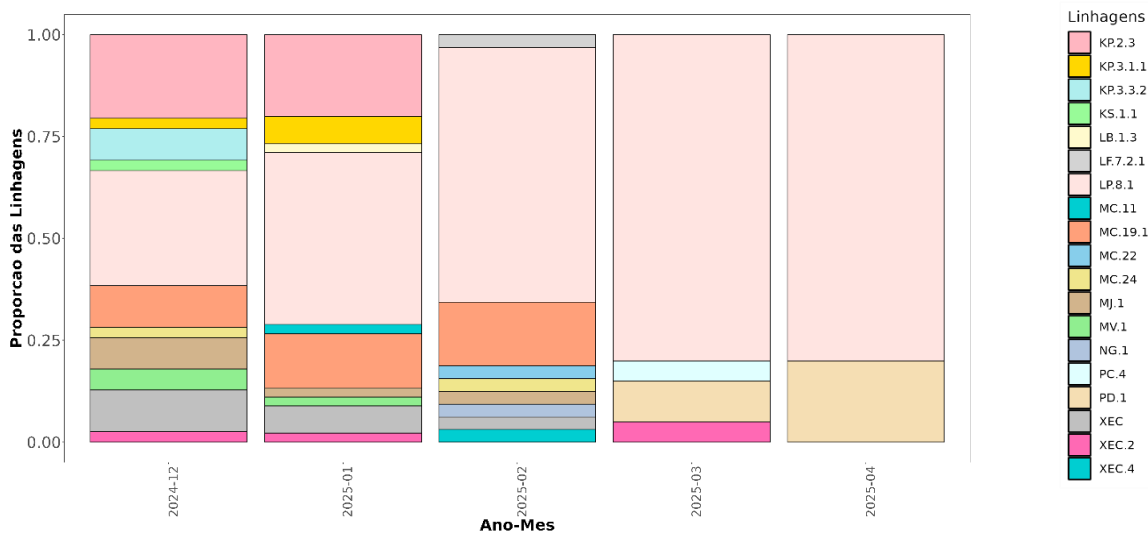
Tabela 1. Frequência das linhagens e sublinhagens do SARS-CoV-2 identificadas durante dezembro de 2024 a abril de 2025 pelo LACEN, no estado da Bahia.

Linhagem	Sublinhagem	n	%
KP.2	KP.2.3	01	0,71
	KP.2.3.13	16	11,35
KP.3	KP.3.1.1	04	2,84
	KP.3.3.2	03	2,13
KS.1	KS.1.1	01	0,71
LB.1	LB.1.3	01	0,71
LF.7	LF.7.2.1	01	0,71
LP.8	LP.8.1	29	20,57
	LP.8.1.1	27	19,15
	LP.8.1.4	13	9,22
	LP.8.1.8	01	0,71
MC.11	-	1	0,71
MC.19.1	-	15	10,64
MC.22	-	1	0,71
MC.24	-	2	1,42
MJ.1	-	5	3,55
MV.1	-	3	2,13
NG.1	-	1	0,71
PC.4	-	1	0,71
PD.1	-	3	2,13
XEC	XEC	8	5,67
	XEC.2	3	2,13
	XEC.4	1	0,71
Total		141	100%

A vigilância genômica feita pelo Laboratório Central de Saúde Pública Lacen/Ba entre dezembro de 2024 e abril de 2025 identificou exclusivamente amostras pertencentes a VOC (do inglês *Variants of concern*, variantes de preocupação/atenção) Ômicron do SARS-CoV-2 com predominância da linhagem **LP.8.1** e suas sublinhagem **LP.8.1.1**, **LP.8.1.4** e **LP.8.1.8** que representaram quase **50%** das amostras sequenciadas. A linhagem **LP.8.1** do SARS-CoV-2 é descendente da linhagem **KP.1.1.3**, que deriva da variante **JN.1**. Foi identificada pela primeira vez em julho de 2024.

As sublinhagens **KP.2.3** e **KP.2.3.13** (12%) e **MC.19.1** (11%) também apresentaram circulação relevante. Embora em menor proporção, essas variantes podem representar linhagens emergentes, com potencial para expansão populacional, especialmente se apresentarem características fenotípicas vantajosas frente ao cenário imunológico atual. A presença de **XEC** (6%) e suas sublinhagens **XEC.2** (2%) e **XEC.4** (1%) com uma predominância de quase 10% na população analisada. Esta recombinante foi identificada pela primeira vez em agosto de 2024 na Alemanha e disseminou-se rapidamente por outros países da Europa. No Brasil o primeiro caso foi identificado em setembro de 2024 no estado do Rio de Janeiro. A XEC é considerada pela OMS (Organização Mundial de Saúde) como uma variante sob monitoramento devido ao aumento repentino de casos na Alemanha e sua rápida disseminação. Ainda assim, até então, não foi observado maior gravidade nos casos quando comparado com as demais linhagens.

Gráfico 1. Frequência e distribuição das linhagens do SARS-CoV-2 identificadas durante os meses de dezembro de 2024 a abril de 2025 pelo LACEN/BA no estado da Bahia.



Nota: Estão incluídas na linhagem Kp.2.3 a sublinhagem KP.2.3.12. Está incluída na linhagem LP.8.1 as sublinhagens LP.8.1.1, LP.8.1.4 e LP.8.1.8

Fonte: GAL/Ba.

As rotinas de sequenciamento do SARS-CoV-2 realizadas pelo Lacen/BA, no período de janeiro a abril de 2025 — com amostras coletadas entre dezembro de 2024 e a primeira quinzena de abril — revelaram um aumento significativo da circulação da linhagem LP.8.1 e suas sublinhagens.

Observa-se que a prevalência da LP.8.1 vem crescendo desde dezembro de 2024. No entanto, até o momento, seu risco adicional à saúde pública é considerado baixo. Além disso, os dados também indicam um aumento da circulação da linhagem PD.1, que vem se expandindo também em várias regiões do Brasil.

Gráfico 2. Linhagens circulantes no Brasil e no Mundo no período de dezembro de 2024 a abril de 2025, na legenda estão as cinco linhagens em maior circulação no mundo.

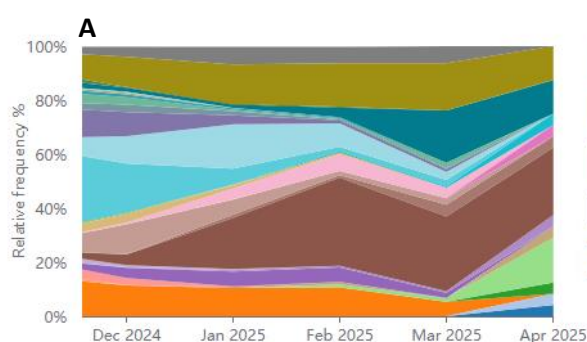


Imagem A: O gráfico acima mostra as cinco linhagens em maior circulação no Brasil.

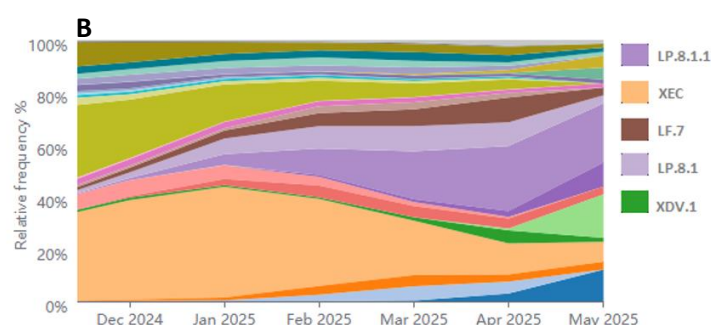


Imagem B: O gráfico acima mostra as cinco linhagens em maior circulação no Mundo.

Fonte: GISAIID.org

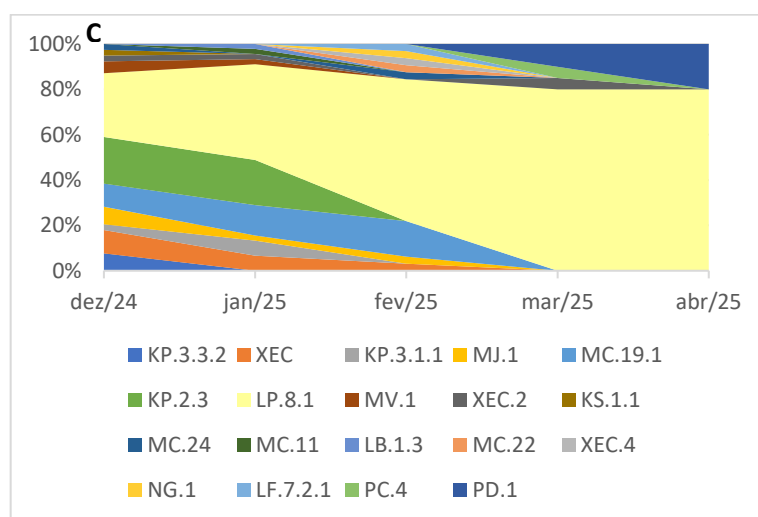


Imagem C: O gráfico acima mostra que a linhagem LP.8.1 juntamente com suas sublinhagens vem predominando desde dezembro de 2024, nesse gráfico está incluído na linhagem LP.8.1 as sublinhagens LP.8.1.1, LP.8.1.4 e LP.8.1.8.

Fonte: GAL/Ba.

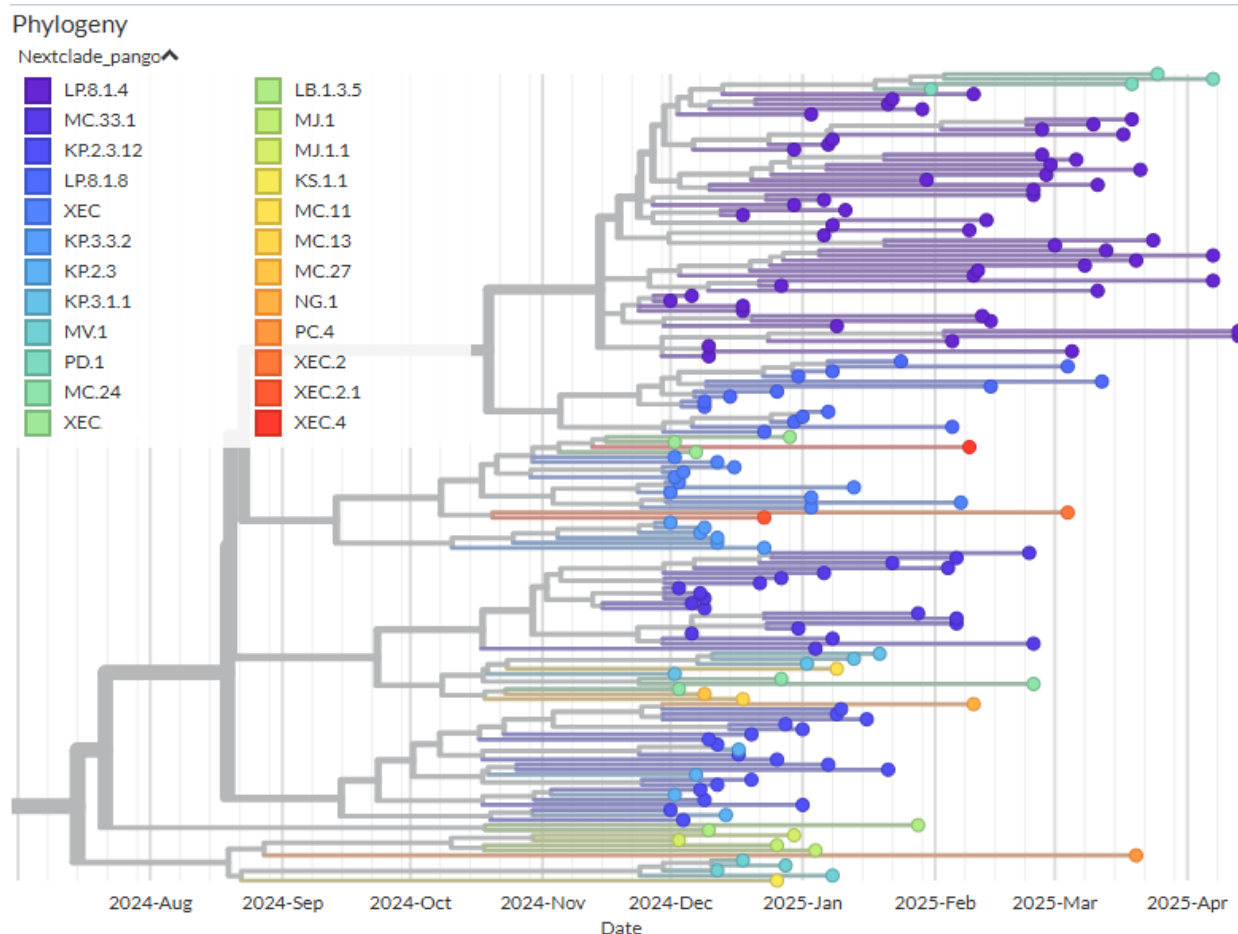
Os gráficos apresentados (Imagens A, B e C) mostram uma tendência consistente de aumento na distribuição da LP.8.1 e suas sublinhagens, tanto no Brasil quanto no mundo e, de forma mais específica, no estado da Bahia.

A sublinhagem LP.8.1 tem apresentado crescimento expressivo em nível global, impulsionado por mutações na proteína spike que favorecem o escape parcial da imunidade gerada por vacinas ou infecções anteriores. Embora não esteja associada a formas mais graves da COVID-19, essas alterações genéticas levantam preocupações quanto à sua transmissibilidade. Em janeiro de 2025, a Organização Mundial da Saúde (OMS) classificou a LP.8.1 como uma "variante sob monitoramento", destacando a importância de acompanhar sua evolução e padrão de disseminação.

A vacina de reforço derivada do JN.1 aumenta os níveis de anticorpos neutralizantes contra os descendentes do JN.1 e esses anticorpos neutralizam poderosamente o LP.8.1, indicando que a vacinação deve aumentar a proteção contra hospitalizações e sequelas pós-COVID-19 causadas pela linhagem emergente do LP.8.1.

Para análise filogenética, foi utilizado o *Software VIPER (Viral Identification Pipeline for Emergency Response)* que utiliza para alinhamento das sequências o MAFFT (Katoh et al, 2019) e posteriormente submetem 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 2. 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 2. Reconstrução filogenética por *maximum likelihood* das sequências do SARS-CoV-2 geradas no LACEN/BA durante os meses de dezembro/2024 a abril/2025.



Fonte: Gisaidd.org

Já foi comprovado que vírus de RNA, como o Sars-Cov-2, mutam mais rapidamente quando comparado com outros microrganismos, como bactérias e fungos, e essas pequenas diferenças em seu material genético podem estar ou não associadas à expressão de proteínas mutadas, o que pode conferir diferentes características ao vírus, características as quais estão diretamente ligadas à sua transmissão, evasão imunológica e/ou gravidade da doença causada por este patógeno.

É importante manter o monitoramento onde múltiplas variantes co-circulam em níveis variados, influenciadas por fatores epidemiológicos, imunológicos e ambientais. A integração entre vigilância genômica, dados clínico-epidemiológicos e políticas públicas é fundamental para garantir respostas rápidas e eficazes frente à evolução do SARS-CoV-2. Além de garantir que medidas de saúde pública e estratégias de vacinação sejam ajustadas conforme necessário.

O aparecimento de linhagens com alta taxa de transmissibilidade, como a XEC e a LP.8.1, reafirmam a importância da rapidez na identificação das linhagens desse vírus, já que essas variantes têm um alto potencial de alterar a dinâmica da doença no mundo.

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 minimizar a circulação deste patógeno e as vacinas permanece sendo uma ferramenta importante para reduzir a gravidade da infecção.

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 \(www.gov.br\)](http://www.gov.br)

Editorial Boletim Vigilância Genômica SARS-CoV-2

LACEN/BA – EDIÇÃO nº 02/2025

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

Gabriela S. Menezes de Andrade

Análise dos dados e elaboração:

Vanessa Brandão Nardy

Marcela Kelly Astete Gómez

Gabriela S. Menezes de Andrade

Felicidade Mota Pereira

Edição:

Bruna Jesus