

Boletim Informativo

Vigilância Genômica SARS-CoV-2

Edição nº 03/2025

LOCEN/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 objetivo apresentar dados relativos à vigilância genômica do SARS-CoV-2 no estado da Bahia. O vírus mantém circulação global e configura um desafio de saúde pública, demandando monitoramento contínuo, visto que o surgimento de novas variantes pode modificar de forma significativa o cenário epidemiológico da COVID-19.

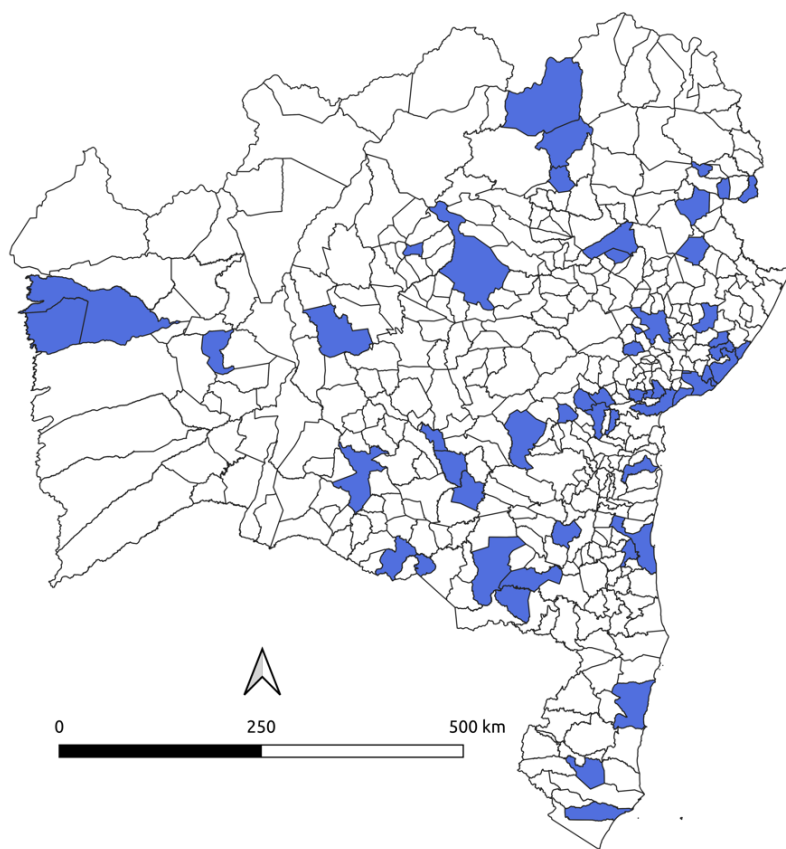
A implementação sistemática da vigilância genômica busca ampliar o volume de dados de sequenciamento disponíveis em escala global, o que contribui para o aperfeiçoamento de protocolos diagnósticos, para a geração de evidências que subsidiam o desenvolvimento de vacinas e para a compreensão da dinâmica evolutiva do vírus. Ademais, no contexto do SARS-CoV-2, a vigilância genômica constitui ferramenta estratégica para rastrear a dispersão das VUMs (do inglês *Variants Under Monitoring*, variantes sob monitoramento/atenção) e das VOIs (do inglês *Variants of interest*, variantes de interesse), além de possibilitar a detecção precoce da introdução de novas sublinhagens no estado da Bahia.

Os dados obtidos acerca do perfil genético do SARS-CoV-2 são depositados de forma oportuna na plataforma internacional *Global Initiative on Sharing All Influenza Data* (GISAID), permanecendo disponíveis para análise por cientistas e pesquisadores em nível mundial.

Monitoramento Genômico de SARS-CoV-2

Durante os meses de janeiro de 2025 a agosto de 2025, o Lacen/Ba foi responsável pelo sequenciamento de 164 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 janeiro de 2025 a agosto de 2025, Bahia, Brasil



Fonte: GAL/Ba

As amostras sequenciadas foram selecionadas seguindo os seguintes critérios: suspeitas e/ou contatos de VUM (do inglês *Variants Under Monitoring*, variantes de sob monitoramento/atenção), VOI (do inglês *Variants of interest*, variantes de interesse) ou 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 regiões 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.

Todas as amostras sequenciadas no período referido, com data de coleta entre janeiro e agosto de 2025 (semanas epidemiológicas 01 a 33), tiveram seus genomas obtidos por sequenciamento de nova geração (NGS) na plataforma MiSeq (Illumina®), apresentando, em sua maioria, cobertura superior a 99% do genoma completo. Das 164 amostras sequenciadas, apenas 12 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 utilizando o *software* online *Aliview* (Larsson, A., 2014) e submetidas à análise pelo *Nextclade* (Aksamentov *et al*, 2021) para determinar a linhagem do SARS-CoV-2 (Rambaut *et al*, 2020). A classificação das linhagens obtidas neste boletim foi realizada em 26 de agosto de 2025, utilizando a ferramenta *Nextclade* v3.16.0. Destaca-se que as amostras classificadas como NW.3 é categorizada como LP.7 pela classificação atual do *Pango Lineage* (GISAID). Ressalta-se que essas designações estão sujeitas a atualizações conforme novos dados genômicos se tornam disponíveis. As frequências das linhagens identificadas no período de janeiro de 2025 a agosto de 2025 estão descritas abaixo na Tabela 1.

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

Linhagem	n	%	Sublinhagem	n	%
KP.2	9	5,92	KP.2.3.12	8	5,26
			KP.2.3	1	0,66
KP.3	3	1,97	KP.3.1.1	3	1,97
LB.1	1	0,66	LB.1.3.5	1	0,66
LF.7	1	0,66	LF.7.2.1	1	0,66
LP.8	45	29,61	LP.8.1.4	40	26,32
			LP.8.1.1	5	3,29
MC.11.3	1	0,66	-	1	0,66
MC.33.1	12	7,89	-	12	7,89
MC.24	1	0,66	-	1	0,66
MJ.1	2	1,32	-	2	1,32
MV.1	1	0,66	-	1	0,66
NG.1	1	0,66	-	1	0,66
NW.3	18	11,84	-	18	11,84
PC.4.1	1	0,66	-	1	0,66
PD.1	7	4,61	PD.1	4	2,63
			PD.1.2	3	1,97
PD.2	5	3,29	PD.2	3	1,97
			PD.2.1	2	1,32
PP.2	9	5,92	PP.2	2	1,32
			PP.2.1	7	4,61
XEC	7	4,61	XEC	4	2,63
			XEC.2.7	2	1,32
			XEC.32	1	0,66
XFG	28	18,42	XFG	1	0,66
			XFG.3	2	1,32
			XFG.3.4.1	8	5,26
			XFG.3.4.2	15	9,87
			XFG.9	2	1,32
Total	152	100	-	152	100

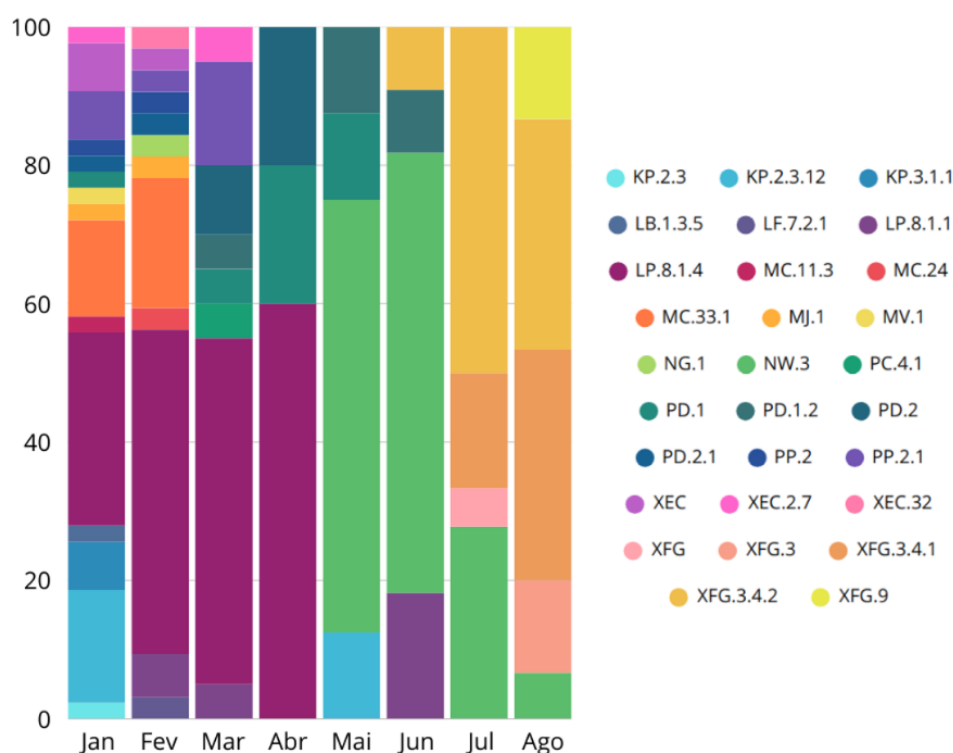
A vigilância genômica feita pelo Laboratório Central de Saúde Pública Lacen/Ba entre janeiro de 2025 e agosto de 2025 identificou exclusivamente amostras pertencentes a VOC (do inglês *Variants of concern*, variantes de preocupação/atenção) Ômicron do SARS-CoV-2.

A tabela acima mostra a distribuição de linhagens e sublinhagens de SARS-CoV-2 em um conjunto de 152 amostras sequenciadas, com suas respectivas frequências absolutas (n) e percentuais (%). A análise permite observar tanto a diversidade de variantes circulantes quanto a predominância

de algumas linhagens específicas. Foram analisados 152 genomas de SARS-CoV-2, distribuídos em diferentes linhagens e sublinhagens. A linhagem LP.8 foi a mais frequente (29,61%), destacando-se sua sublinhagem LP.8.1.4 (26,32%). A linhagem LP.8 do SARS-CoV-2 é descendente da linhagem KP.1.1.3, que deriva da variante JN.1 a qual foi identificada pela primeira vez em julho de 2024. Outra linhagem que apresentou circulação predominante segundo tabela acima foi a recombinante XFG que com suas sublinhagens aparece em 18,42%. Em seguida, aparece a NW.3 (11,84%), sem subdivisões identificadas.

Esta variante da COVID-19, também conhecida como “*Stratus*”, é uma linhagem recombinante identificada pela primeira vez em janeiro de 2025 no Sudeste Asiático. A XFG possui várias mutações na proteína Spike do SARS-CoV-2, que podem influenciar na capacidade do vírus de se ligar às células humanas e escapar da resposta imunológica, mas estudos iniciais sugerem que as vacinas atuais ainda oferecem proteção contra formas graves da doença. Diversas outras linhagens estão representadas por apenas uma ou duas amostras, cada uma dessas corresponde a menos de 1,00% do total, indicando que são variantes raras ou pontuais na população analisada.

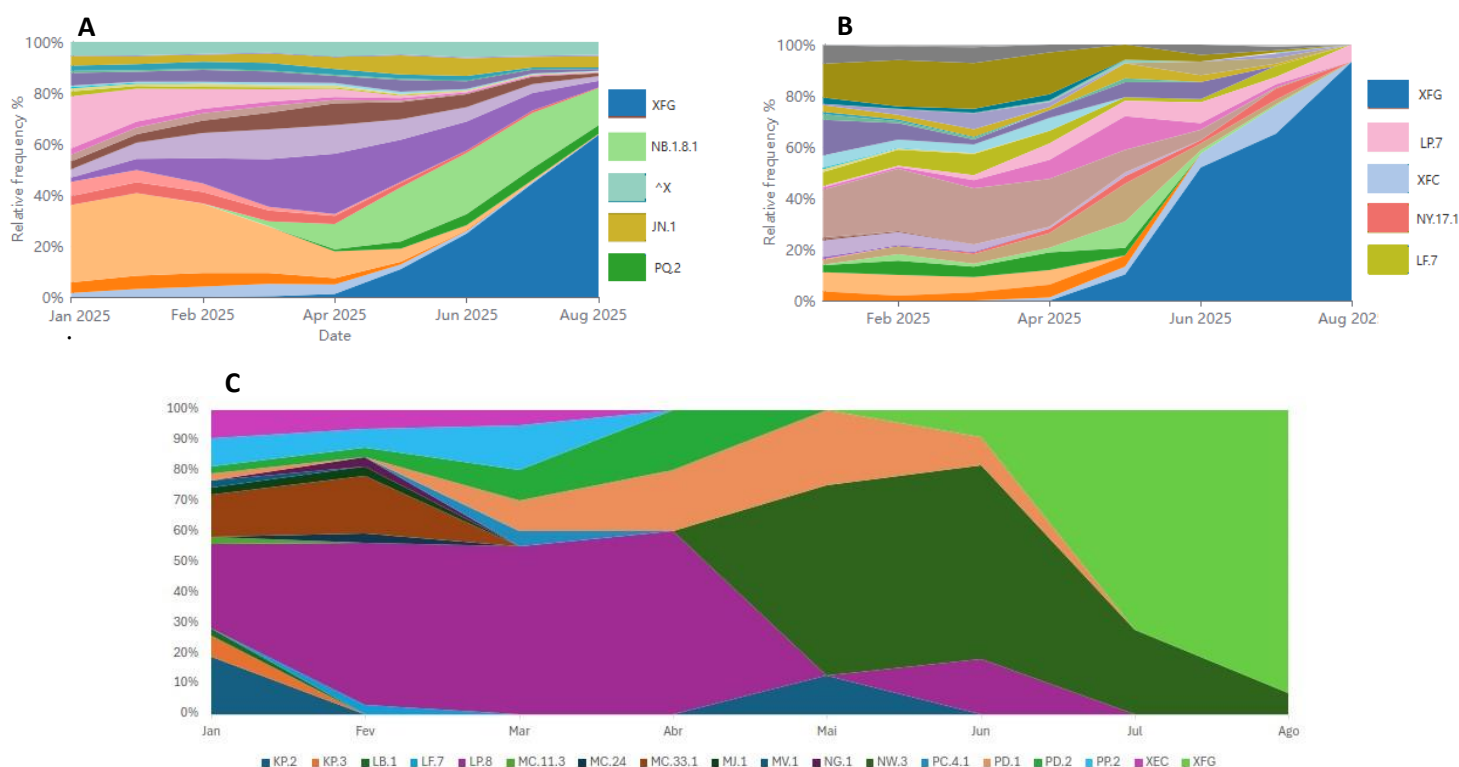
Gráfico 1. Frequência e distribuição das linhagens do SARS-CoV-2 identificadas durante os meses de janeiro de 2025 a agosto de 2025 pelo LACEN/BA no estado da Bahia.



Fonte: GAL/Ba.

O gráfico acima (Gráfico 1) apresenta a distribuição mensal das linhagens e sublinhagens de SARS-CoV-2 entre janeiro e agosto. Nos primeiros meses (janeiro a abril), observa-se um cenário de elevada diversidade viral, marcado principalmente pela presença expressiva da sublinhagem LP.8.1.4. Em maio, essa diversidade diminui, com o predomínio da linhagem NW.3, que se mantém em destaque até junho. A partir de julho, verifica-se um declínio progressivo de NW.3, acompanhado pela expansão da linhagem XFG e de suas sublinhagens, que passam a predominar em agosto. Esse comportamento sugere um processo de substituição gradual de variantes, em consonância com tendências relatadas em nível nacional e internacional, onde a XFG vem demonstrando maior capacidade de disseminação. O padrão observado evidencia a competição dinâmica entre linhagens, com mudanças rápidas no perfil de circulação viral, reforçando a importância da vigilância genômica contínua para monitorar possíveis impactos epidemiológicos, incluindo escape imune e aumento da transmissibilidade.

Gráfico 2. Linhagens circulantes no Brasil e no Mundo no período de janeiro de 2025 a agosto de 2025. (A) Gráfico demonstrando as cinco linhagens em maior circulação no mundo, no período de janeiro a agosto de 2025; (B) Gráfico demonstrando as cinco linhagens em maior circulação no Brasil, no período de janeiro a agosto de 2025; (C) Gráfico demonstrando as cinco linhagens em maior circulação na Bahia, no período de janeiro a agosto de 2025.



Fonte: Gisaidd.org

A análise da circulação global (Gráfico 2A) de variantes demonstra que, até março de 2025, havia uma diversidade considerável de linhagens em cocirculação. A partir de abril observa-se a expansão progressiva da linhagem XFG, que se consolidou como predominante até agosto de 2025, ultrapassando 60% de frequência relativa e reduzindo significativamente a diversidade genética.

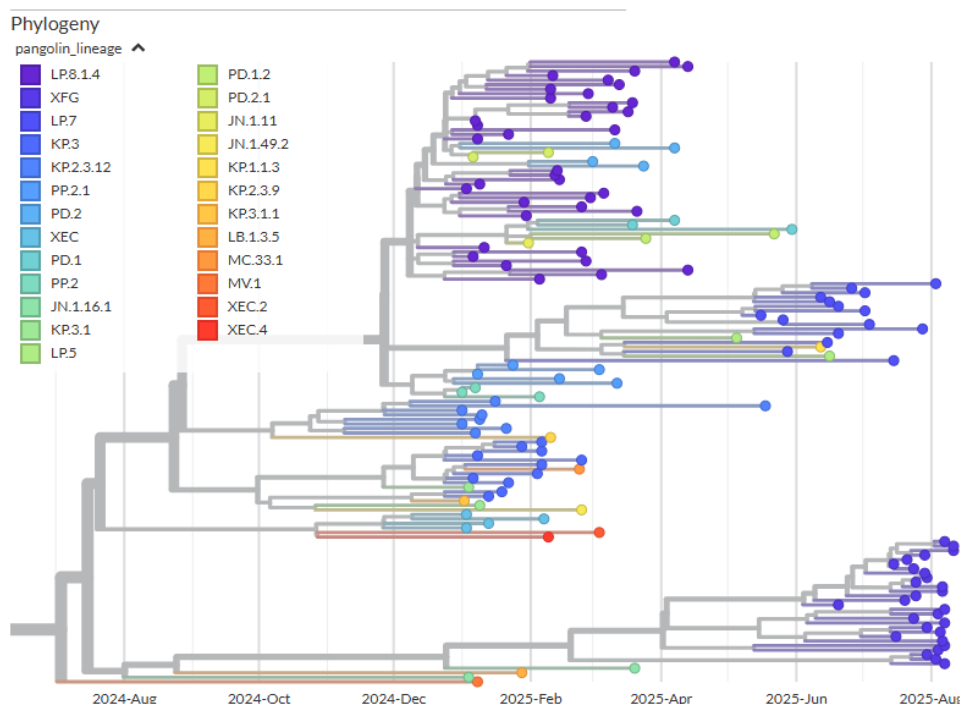
No cenário brasileiro (Gráfico 2B), o processo de substituição ocorreu de forma mais abrupta. Embora a diversidade inicial fosse semelhante à observada mundialmente, a linhagem XFG apresentou crescimento acelerado a partir de abril, alcançando mais de 80% das amostras em julho e agosto. Esse comportamento sugere maior velocidade de dispersão e fixação no território nacional em comparação ao panorama global.

Na Bahia (Gráfico 2C), o padrão foi distinto. Até abril de 2025, a linhagem LP.8 manteve-se como majoritária, em contraste com a tendência já observada nacional e globalmente. Apenas a partir de maio iniciou-se a introdução de novas variantes, culminando em julho/agosto com a substituição abrupta de LP.8 pelas linhagens XFG e NW.3, que passaram a predominar no Estado.

A linhagem XFG apresenta rápida capacidade de expansão, com aumento progressivo de frequência relativa em diferentes regiões do mundo desde o início de 2025. Embora inicialmente tenha circulado em cocirculação com outras variantes, rapidamente demonstrou vantagem competitiva, tornando-se majoritária em diversos cenários, incluindo o Brasil e a Bahia. Esse perfil sugere maior transmissibilidade e/ou escape imune parcial em relação às variantes previamente dominantes, reforçando a necessidade de monitoramento contínuo para avaliar possíveis impactos epidemiológicos e clínicos. Apesar de sua rápida disseminação, a Organização Mundial da Saúde (OMS) classificou a XFG como uma “variante sob monitoramento”, indicando um risco público baixo, mas com potencial para crescimento e disseminação.

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.

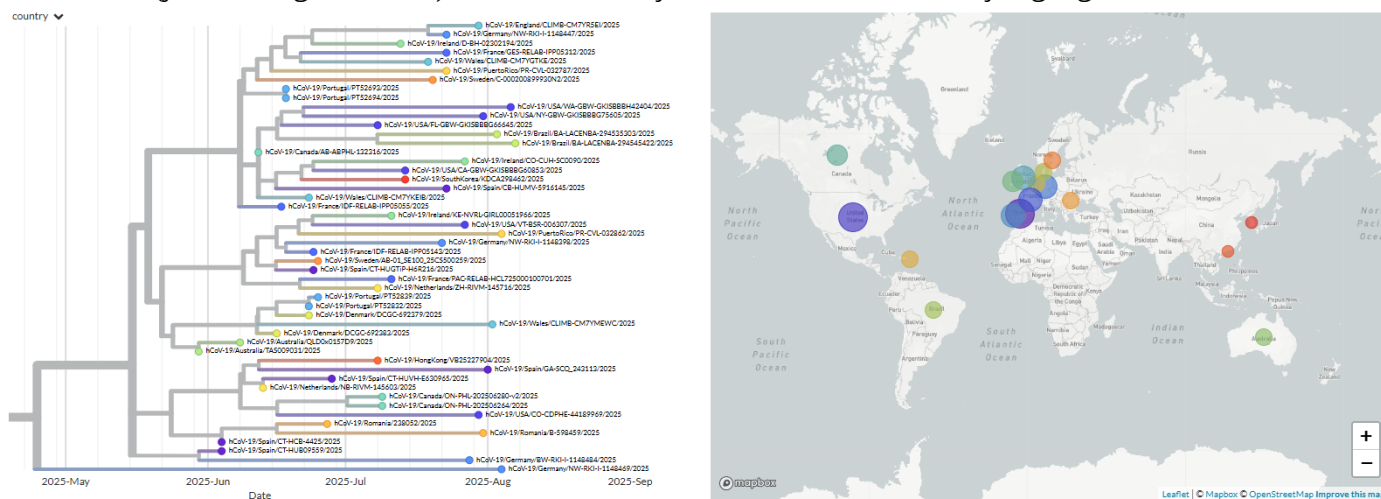
Figura 2. Reconstrução filogenética por *maximum likelihood* das sequências do SARS-CoV-2 geradas no LACEN/BA durante os meses de janeiro a agosto de 2025.



Fonte: Gisaidd.org

A análise filogenética das amostras de SARS-CoV-2 do estado da Bahia, entre janeiro e agosto de 2025, reforça a circulação de múltiplas linhagens, com destaque para a predominância recente da XFG e da LP.8.1.4. Em termos temporais, nota-se uma maior diversidade viral no início de 2025, seguida por um estreitamento com predomínio da linhagem XFG a partir de março assim como observado no Gráfico 2C, refletindo a tendência global de substituição de variantes.

Figura 3. Árvore filogenética (a esquerda) e mapa global (a direita) do SARS-CoV-2 linhagem XFG.9 (janeiro a agosto/2025), mostrando relações evolutivas e distribuição geográfica das amostras.



Fonte: Gisaidd.org

Na análise filogenética dos genomas de SARS-CoV-2 da linhagem XFG.9 sequenciados no estado da Bahia em 2025, observa-se que as essas amostras se agrupam em um mesmo ramo da árvore juntamente com sequências provenientes dos Estados Unidos e Canadá. Essa proximidade filogenética sugere a circulação de um mesmo grupo viral em diferentes regiões geográficas, possivelmente decorrente de múltiplas introduções ou eventos de dispersão internacional.

Está amplamente documentado que vírus de RNA, como o SARS-CoV-2, apresentam taxas de mutação significativamente superiores às observadas em outros microrganismos, como bactérias e fungos. Essas variações no material genético podem ou não resultar na expressão de proteínas alteradas, as quais conferem ao vírus diferentes características fenotípicas diretamente relacionadas à transmissibilidade, à evasão da resposta imune e/ou à gravidade da infecção.

A manutenção de sistemas de vigilância é imprescindível em cenários nos quais múltiplas variantes cocirculam em níveis distintos, moduladas por fatores epidemiológicos, imunológicos e ambientais. A integração entre vigilância genômica, dados clínico-epidemiológicos e políticas públicas é essencial para a formulação de respostas rápidas e eficazes diante da evolução do SARS-CoV-2, além de assegurar a adaptação de medidas de saúde pública e estratégias vacinais conforme necessário.

O surgimento de linhagens com elevada transmissibilidade, como LP.8.1 e XFG, reforça a importância da detecção célere dessas variantes, dado o seu elevado potencial de modificar a dinâmica da pandemia em escala global.

A mobilidade humana constitui fator crítico para a dispersão do SARS-CoV-2 e de suas variantes, de modo que medidas de distanciamento social e restrição de circulação mantêm relevância na mitigação da transmissão, enquanto a vacinação permanece como ferramenta central para a redução da gravidade dos quadros clínicos.

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.
- 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 03/2025

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