

## NOTA TÉCNICA

# Vigilância Genômica dos arbovírus com circulação no estado do Ceará

Nº 05 | 29/04/2025



**CEARÁ**  
GOVERNO DO ESTADO  
SECRETARIA DA SAÚDE

# APRESENTAÇÃO

O Laboratório Central de Saúde Pública - LACEN/CE; Secretaria de Vigilância em Saúde – SEVIG; Coordenadoria de Vigilância Epidemiológica e Prevenção em Saúde (COVEP), vem atualizar as informações sobre a vigilância genômica dos arbovírus que circulam no estado do Ceará, para subsidiar ações de vigilância, prevenção e controle dessas doenças.

O monitoramento genômico sistemático dos casos elegíveis de arboviroses é realizado por meio do sequenciamento de nova geração, atuando em conjunto com ferramentas contidas no Plano Estadual Integrado em Saúde para Enfrentamento das Arboviroses.

O sequenciamento genético de nova geração tem sido uma ferramenta essencial para gerar dados genômicos, impulsionar a resposta laboratorial. O objetivo dessa vigilância é proporcionar melhor entendimento dos padrões evolutivos e de dispersão de novos sorotipos e/ou genótipos de dengue, chikungunya, Zika e Oropouche, melhorando o monitoramento realizado para determinar padrões de circulação visando o impacto na Saúde Pública do estado.

As informações apresentadas nesta Nota técnica são referentes aos resultados do sequenciamento realizado em 01/04/2025 de amostras de casos suspeitos de dengue e chikungunya registrados no Sistema de Informação de Agravos de Notificação (Sinan On-line) incluindo os dados do Sistema Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL) no período de 30/12/2024 a 20/03/2025.

**Governador do Estado do Ceará**  
Elmano de Freitas da Costa

**Secretária da Saúde do Ceará**  
Tânia Maria Silva Coelho

**Secretário Executivo de Vigilância em Saúde e Regulação**  
Antonio Silva Lima Neto

**Diretor do Laboratório Central de Saúde Pública (LACEN/CE)**  
Ítalo José Mesquita Cavalcante

**Coordenadora de Vigilância Epidemiológica e Prevenção em Saúde**  
Ana Maria Peixoto Cabral Maia

**Elaboração**  
Shirlene Telmos Silva de Lima

**Colaboração**  
Antônio Carlos Firmino  
Igor Moreira de Almeida  
Lucas Meireles Arruda Loureiro  
Maria Gabriela Rodrigues da Costa  
Vitória Carla Carvalho

**Revisão**  
Ana Carolina Barjud Marques Máximo  
Karene Cavalcante Ferreira  
Leda Maria Simões Mello  
Rosiane Marcelino Lobo Fernandes  
Kiliana Nogueira Farias da Escóssia  
Glaubenia Gomes dos Santos



# INTRODUÇÃO

A dengue é uma infecção viral sistêmica causada pelo vírus dengue (DENV), um arbovírus do gênero *flavivirus*, família *flaviviridae*, que apresenta características antigênicas distintas que o diferem em quatro sorotipos antigenicamente diferentes (DENV1, DENV2, DENV3 e DENV4) (LINDENBACH, THIEL & RICE, 2007) contendo grupos genéticos (genótipos) dentro de cada sorotipo (VASILAKIS; WEAVER, 2008).

Como na maioria dos vírus de RNA, DENV apresenta considerável diversidade genética. Mutações, recombinações, susceptibilidade do hospedeiro e fluxo gênico dos sorotipos do DENV têm causado maior predisposição dos mesmos a essa diversidade (DOLAN et al, 2021). Possui alto impacto na saúde pública do Brasil e de outros países tropicais e subtropicais em função de sua ampla distribuição e de sua capacidade em causar significativa morbidade e mortalidade em humanos (LINDENBACH, THIEL & RICE, 2007), daí a importância do monitoramento e acompanhamento do surgimento de novos sorotipos e genótipos.

A imunidade vitalícia desenvolvida após a infecção por um dos quatro tipos de vírus é específica do tipo, e a progressão para doença mais grave é frequentemente, mas não exclusivamente, associada à infecção secundária por tipos heterólogos. Em razão da imunidade heterogênea, infecções secundárias por diferentes sorotipos e genótipos são possíveis e relativamente comuns (BHATT et al., 2013).

CHIKV é um arbovírus membro da família *Togaviridae*, gênero *Alphavirus* (PIALOUX et al., 2007), apresentando apenas um sorotipo, mas que possui quatro diferentes genótipos: Asiático, Leste-Centro-Sul Africano, Oeste Africano e Oceano Índico (PEREIRA, 2018). A capacidade do CHIKV de dispersar geograficamente, está associada ao aparecimento de mutações espontâneas no genoma viral que podem resultar na adaptação do vírus a diferentes espécies de vetores (CHU; ANG, 2016). Dessa forma, é importante monitorar a difusão do vírus e o aparecimento de novas variantes com o método de sequenciamento genético que proporciona a integração dos dados genéticos e epidemiológicos para elucidar padrões de dispersão do vírus durante um surto ou epidemia (GRUBAUGH et al., 2019).

# INTRODUÇÃO

Para a Saúde Pública do estado, é de suma importância a realização desse sequenciamento genético dos arbovírus (DENV, CHIKV, ZIKV e OROV) realizado pelo Setor de Virologia do Laboratório de Central de Saúde Pública (Lacen-Ce). Esse monitoramento aliado a outros estudos, pesquisas científicas, possibilitam identificar os genótipos circulantes e/ou reintroduzidos no estado do Ceará, permitindo avaliar o risco da patogenicidade desses vírus, transmissibilidade e se apresentam capacidade em alterar o perfil clínico e epidemiológico conhecido, além de nortear as ações de vigilância, prevenção e controle nos territórios municipais, além de direcionar medidas diagnósticas e permitir a manutenção da vigilância virológica no país (MS/SVSA/CGLAB).

De acordo com relatórios epidemiológicos, as recentes epidemias de dengue no Brasil e na América do Sul foram impulsionadas principalmente pela circulação dos sorotipos DENV-1 e DENV-2 que são os tipos mais comuns associados a surtos conhecidos (GIOVANETTI et al., 2022).

O Laboratório Central de Saúde Pública do Ceará (Lacen) é responsável pela vigilância e diagnóstico laboratorial das Arboviroses e de outros agravos de notificação compulsória, e dentro de suas atividades, realiza de forma sistemática o monitoramento constante desses arbovírus que circulam no estado, de forma a colaborar para o direcionamento das políticas públicas no âmbito do estado do Ceará.

A presente nota técnica tem por objetivo divulgar os resultados da vigilância genômica no período de **30/12/2024 a 20/03/2025**, das amostras de casos suspeitos com detecção dos arbovírus (DENV e CHIKV) que foram coletadas em alguns municípios do estado do Ceará.

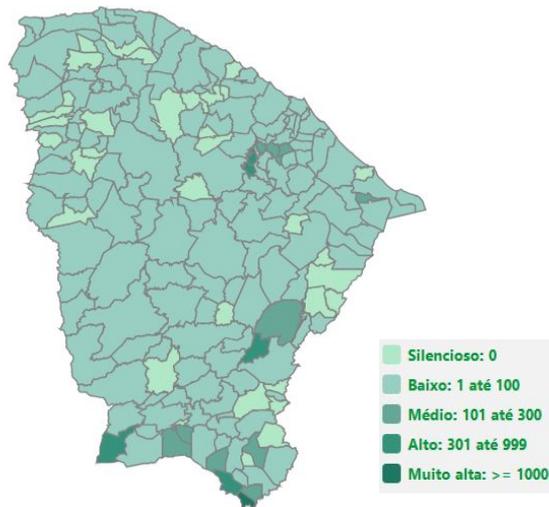
# CENÁRIO EPIDEMIOLÓGICO DAS ARBOVIROSES

## DENGUE, CEARÁ, SE 01 A 17/2025\*

SE17/2024 SE17/2025\* VARIÇÃO

Notificados	29.627	7.068	- 76,1%
Confirmados	6.195	970	- 84,3%
Prováveis	6.277	2.671	- 57,4%

Figura 1. Mapa de incidência de casos prováveis, Ceará 2025\*



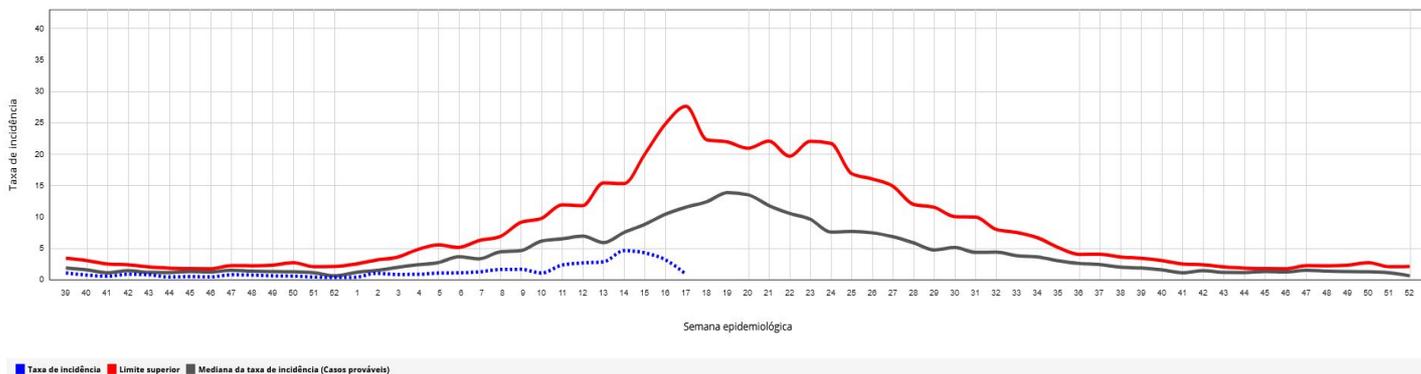
2025\*



Fonte: SESA/SEVIG/COPEP/CEVOP/Sinan \*Dados atualizados em 23/04/2025

Até a SE 17 de 2025, foram notificados no Ceará 7.068 casos suspeitos de dengue no Sinan, destes 13,7% (970/7.068) foram confirmados e 62,2% (4.397/7.068) foram descartados. A taxa de incidência acumulada dos casos prováveis é de 30,4 casos por 100 mil habitantes, considerada Baixa. Em 2025, observa-se uma redução nos registros de casos no estado quando comparado ao mesmo período de 2024. As Superintendências Regionais de Saúde (SRS) que apresentaram municípios com maiores coeficientes de incidência de casos prováveis são: SRS CARIRI (Penaforte, Orós, Jardim, e Salitre) e SRS FOR (Mulungu e Aratuba).

## DIAGRAMA DE CONTROLE DA DENGUE 2025\*



Fonte: INTEGRASUS \*Dados atualizados em 23/04/2025

Em 2025, o diagrama sinaliza que a taxa de incidência dos casos prováveis de dengue por 100 mil habitantes não ultrapassou o limite superior até o momento, considerado dentro do padrão endêmico do Estado.

# DENGUE

## DENGUE - DETECÇÃO VIRAL | 2025\*

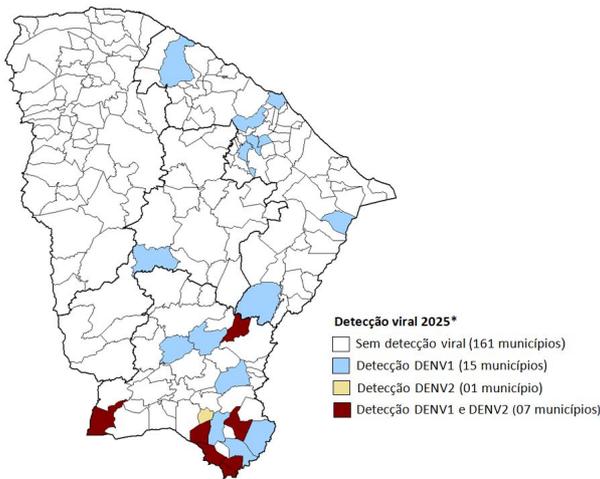
### Circulação dos Sorotipos D1 e D2

#### Teste de Biologia molecular RT-qPCR

- N° amostras cadastradas: 2.753 amostras
- N° amostras liberadas: 79,5% (2.190/2.753) amostras
- N° amostras não detectáveis: 88,0% (1.927/2.190) amostras
- N° amostras com detecção do DENV: 12,0% (263/2.190) amostras
- DENV1 69,9% (184/263) das detecções
- DENV2 29,3% (77/263) das detecções
- DENV1 e DENV2 0,8% (02/263) das detecções

**Percentual de Municípios com envio de amostras para o teste de PCR: 70,1% (129/184)**

**Figura 2.** Detecção viral, Ceará, 2025\*



#### Municípios com maior circulação dos Sorotipos D1 e D2

- **Penaforte:** D1 (11 casos confirmados) e D2 (52 casos confirmados)
- **Orós:** D1 (65 casos confirmados) e D2 (01 caso confirmado)
- **Barbalha:** D1 (31 casos confirmados) e D2 (16 casos confirmados)
- **Jardim:** D1 (22 casos confirmados), D2 (02 casos confirmados) e D1 e D2 (02 casos)
- **Redenção:** D1 (17 casos confirmados)

## CHIKUNGUNYA, CEARÁ, SE 01 A 17/2025\*

SE17/2024 SE17/2025\* VARIACÃO

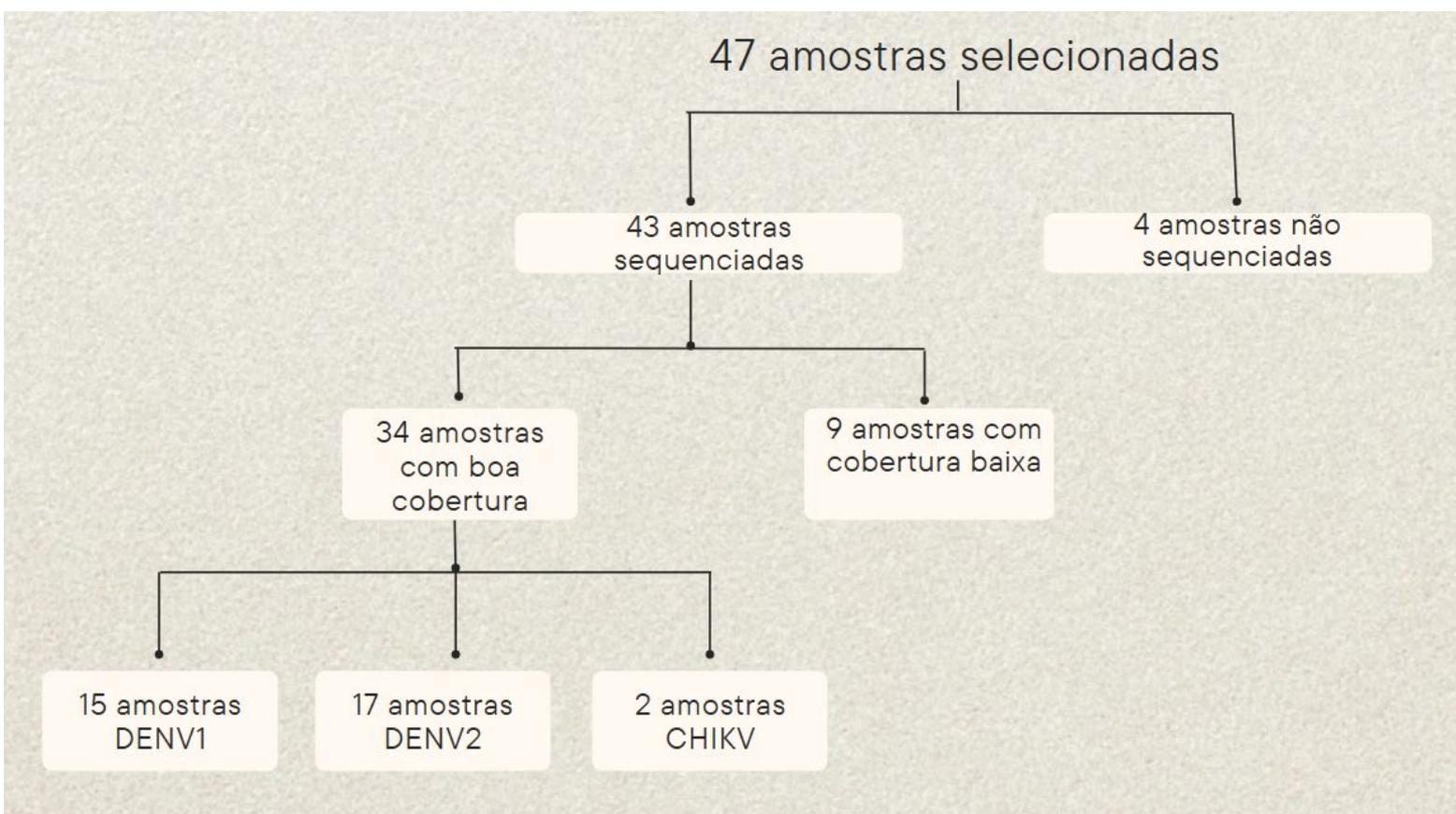
Notificados	5.825	1.761	- 69,8%
Confirmados	443	81	- 81,7%
Prováveis	624	378	- 39,4%

**Incidência de casos prováveis nas últimas cinco semanas.**  
4,3 casos por 100 mil/hab.  
**BAIXA**

Dos casos notificados de chikungunya em 2025, até o momento, 81 foram confirmados, destes, 76 foram pelo critério laboratorial. As confirmações são de pacientes residentes em 38 municípios. Destacam-se os municípios de Aratuba (10) e Fortaleza (10), onde se concentram mais casos. Seguem em investigação 297 casos. Sem registro de óbito suspeito.

## AMOSTRAGEM

Foram selecionadas para serem sequenciadas 47 amostras detectáveis para arboviroses, sendo 23 amostras DENV1, 22 amostras DENV2 e 02 amostras CHIKV (Figura 01), cuja coleta ocorreu no período de 30/12/2024 a 20/03/2025 com Ct (Cycle Threshold)  $\leq 30$  (critério essencial), além de um controle negativo. As amostras foram selecionadas de modo a manter a representatividade temporal, além de maximizar a representatividade de municípios do estado. Buscou-se englobar perfil epidemiológico heterogêneo, com diferentes faixas etárias, sexo e de diferentes macrorregiões do estado.



**Figura 1:** Fluxograma das amostras selecionadas com detecção dos arbovírus (DENV1, DENV2 e CHIKV). Período de 30/12/2024 a 20/03/2025 .

Fonte: LACEN-CE. Dados atualizados em 31/03/2025

## MÉTODOS

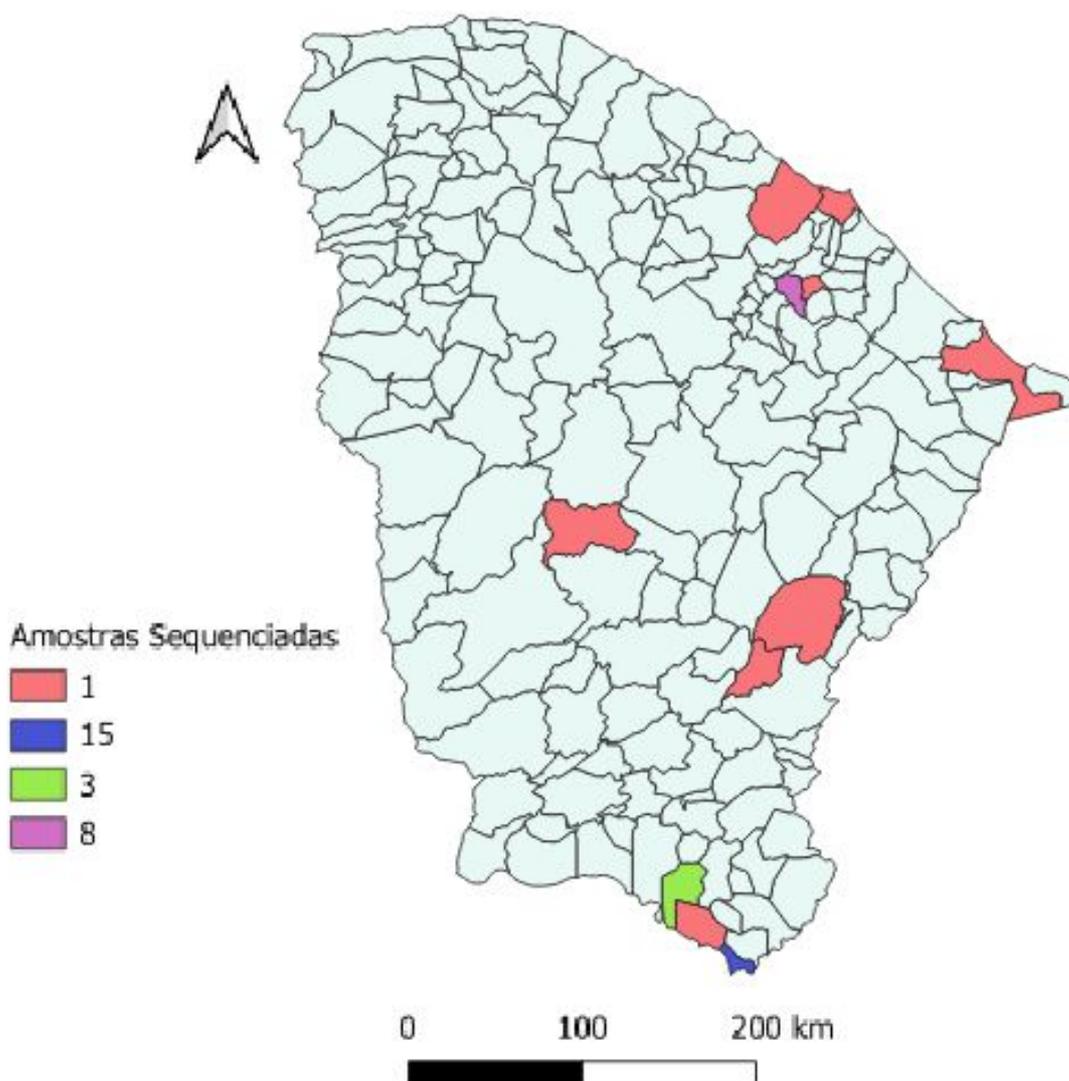
O sequenciamento foi realizado utilizando a tecnologia Illumina no equipamento MiSeq™, onde 34 dos genomas obtidos possuíram cobertura acima de 64,4% e 09 não apresentaram boa cobertura.

As sequências genômicas do arbovírus (DENV1, DENV2 e CHIKV) foram montadas utilizando o software ViralFlow, versão 1.2.0 (<https://viralflow.github.io/>, ViralFlow 1.2.0.). Após a montagem, os genomas foram classificados em relação a sorotipo/genótipo para cada vírus, utilizando ferramenta online DengueSurver GISAID EpiArbo ( <https://www.epicov.org/epi3/frontend#d772c>) e ChikSurver GISAID EpiArbo (<https://www.epicov.org/epi3/frontend#2bdd28> ).

O sequenciamento genético das amostras selecionadas teve como objetivo realizar a vigilância genômica laboratorial, monitoramento contínuo e/ou surgimento de novos arbovírus, sorotipos e genótipos do vírus DENV e CHIKV, sua dispersão no Ceará, especialmente. Para tanto, foram selecionadas amostras de diferentes municípios do estado (Figuras 2).

## RESULTADOS

Na figura 2 temos a representação geográfica dos municípios de onde as amostras foram coletadas. As amostras com detecção dos arbovírus ( DENV e CHIKV) analisadas estavam distribuídas entre os seguintes municípios: Acarape (01), Aracati (01), Barbalha (03), Caucaia (01), Fortaleza (01), Jaguaribe (01), Jardim (01), Orós (01), Pedra Branca (1), Penaforte (15) e Redenção (08).



**Figura 2:** Distribuição espacial das amostras sequenciadas com detecção dos arbovírus (DENV1, DENV2 e CHIKV) segundo município de residência, Ceará, 2024/2025\*

Fonte: LACEN-CE. Dados atualizados em 31/03/2025

## RESULTADOS

Analisando as amostras sequenciadas por sexo, 55,9% eram de pacientes do sexo feminino (19/34) (Tabela 1). Analisando por faixa etária, a maioria das amostras sequenciadas foram de pacientes na faixa de idade de 21 a 60 anos (Figura 4).

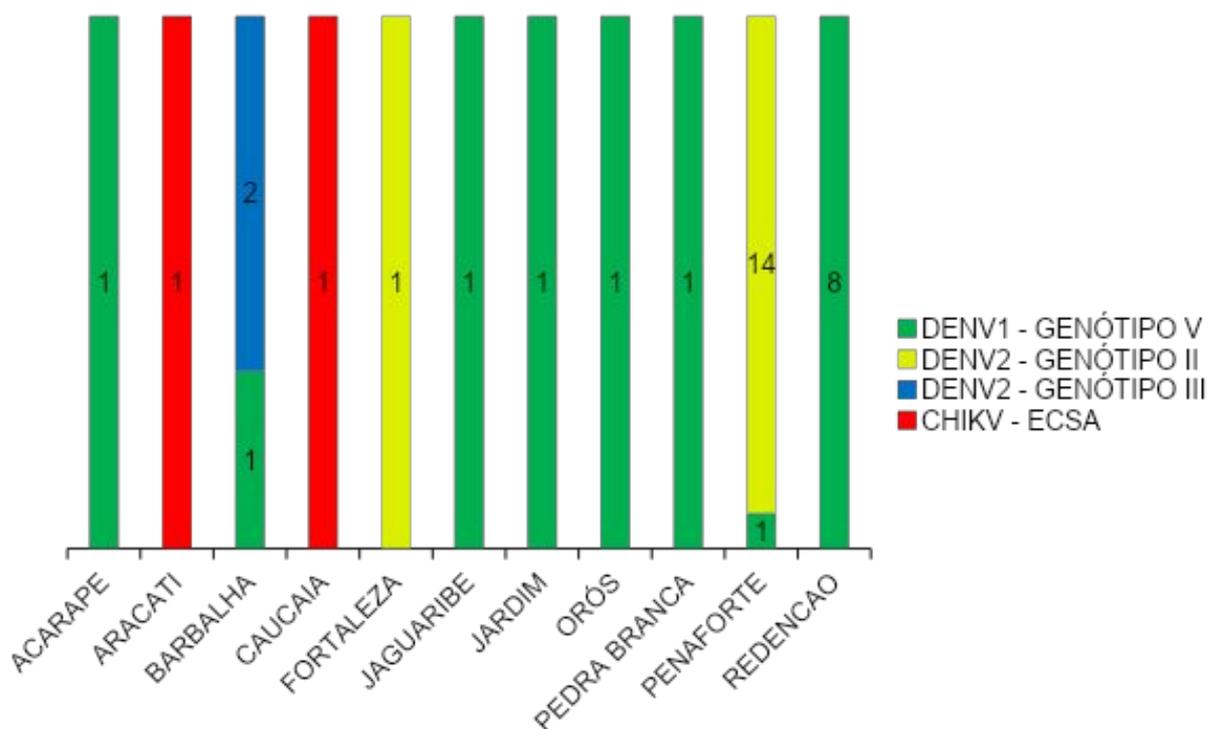
Variável	N	%
Sexo		
Masculino	15	44,1
Feminino	19	55,9
Faixa Etária (anos)		
0 - 10	3	8,8
11 – 20	7	20,6
21 – 40	11	32,35
41 – 60	11	32,35
61 – 80	2	5,9

**Tabela 1:** Sexo e faixa etária dos pacientes cujas amostras foram sequenciadas para arbovírus DENV1, DENV2 e CHIKV. Período de 30/12/2024 a 20/03/2025.

Fonte: LACEN-CE. Dados atualizados em 31/03/2025.

## RESULTADOS

Das análises realizadas, continua em circulação nos municípios já citados, o genótipo V do DENV1, os genótipos II e III do DENV2 e o genótipo ECSA do CHIKV (Figura 4 e Tabela 2).



**Figura 4:** Genótipos de DENV1, DENV2 e CHIKV sequenciados no LACEN/Ceará distribuídas por municípios. Período de 30/12/2024 a 20/03/2025.

Fonte: LACEN-CE. Dados atualizado em 31/03/2025.

AGRAVO	SOROTIPO	GENÓTIPO	GENOMAS OBTIDOS
DENGUE	DENV1	V	15
DENGUE	DENV2	II	15
DENGUE	DENV2	III	2
CHIKUNGUNYA	CHIK	ECSA	2

**Tabela 2:** Sorotipo e genótipo das amostras que foram analisadas para arbovírus DENV1, DENV2 e CHIKV. Período de 30/12/2024 a 20/03/2025.

Fonte: LACEN-CE. Dados atualizados em 31/03/2025

## CONCLUSÃO

O LACEN/CE continua monitorando e divulgando os resultados do perfil genômico dos arbovírus (sorotipos e genótipos) que circulam no estado, obtidos por sequenciamentos de nova geração, realizando a vigilância genômica em amostras que contemplam os critérios de elegibilidade para a metodologia.

Nesse sequenciamento realizado pelo LACEN/CE, referente ao período de 30/12/2024 a 20/03/2025, foi identificado o genótipo V do DENV1, os genótipos II e III do DENV2 e o genótipo ECSA do CHIKV.

Esse esforço do Laboratório Central de Saúde Pública do Ceará (LACEN/CE), com apoio da Secretaria da Saúde do Ceará, para permanecer com a vigilância genômica atuante e expandir para outros agravos de importância para a saúde pública, torna-se fundamental para acompanhar a evolução dos arbovírus, aprofundar no avanço da descoberta de novas linhagens e genótipos, como também entender o comportamento da doença em dado período, permitindo assim, tomadas de ação em tempo hábil e oportuno.

Sendo assim, o sequenciamento genético torna-se um instrumento imprescindível para o monitoramento do padrão de circulação dos vírus, o entendimento da sua dispersão no presente e no passado, bem como detecção da introdução de novas linhagens e genótipos no estado do Ceará.

## RECOMENDAÇÕES

- Monitoramento contínuo dos arbovírus de circulação no estado – DENV1, DENV2, DENV3 e DENV4, CHIKV, ZIKV, MAY e ORO – e de outros de possível introdução, por meio da testagem por RT-qPCR, em amostras de fase aguda (até o 5º dia), possibilitando a realização da Vigilância Genômica no Estado do Ceará;
- Vigilância virológica com busca ativa e coleta de amostras de fase aguda, em todas as regiões do Ceará, priorizando as regiões sem reconhecimento de circulação dos sorotipos da dengue;
- Campanhas educativas com o objetivo de acabar com os criadouros do mosquito do gênero Aedes, principal transmissor dos arbovírus.

Dessa forma, o sequenciamento genético torna-se um instrumento imprescindível para o monitoramento do padrão de circulação das arbovirose, o entendimento da sua dispersão, bem como detecção da introdução de novos genótipos no estado do Ceará.

Em parceria com a SESA-CE, o LACEN-CE segue em vigilância genômica dos arbovírus, investigando casos suspeitos devido a mudanças no perfil da doença e realizando busca ativa para acompanhar a dispersão e circulação dos arbovírus no estado do Ceará por meio de sequenciamento genético.

## REFERÊNCIA

LINDENBACH, B. D.; THIEL, H. J.; RICE, C. M. **Flaviviridae: the viruses and their replication**. In KNIPE, D. M. et al. *Fields Virology*, p. 1101– 1152, 2007.

VASILAKIS, N.; WEAVER, S.C. **The History and Evolution of Human Dengue Emergence**. *Advances in Virus Research*, v. 72. p. 1-76, 2008.

DOLAN PT, TAGUWA S, RANGEL MA, ACEVEDO A, HAGAI T, ANDINO R, FRYDMAN J. **Principles of dengue virus evolvability derived from genotype-fitness maps in human and mosquito cells**. *Elife*. 2021 Jan 25;10:e61921. doi: 10.7554/eLife.61921. PMID: 33491648; PMCID: PMC7880689.

SECRETARIA DA SAÚDE. GOVERNO DO ESTADO DO CEARÁ. **Boletim Epidemiológico das Arboviroses**. 29/04/2024.

YENAMANDRA SP, KOO C, CHIANG S, LIM HSJ, YEO ZY, NG LC, HAPUARACHCHI HC. **Evolution, heterogeneity and global dispersal of cosmopolitan genotype of Dengue virus type 2**. *Sci Rep*. 2021 Jun 29;11(1):13496. doi: 10.1038/s41598-021-92783-y. PMID: 34188091; PMCID: PMC8241877.

SUZUKI K, PHADUNGSOMBAT J, NAKAYAMA EE, SAITO A, EGAWAA, SATO T, RAHIM R, HASAN A, LIN MY, TAKASAKI T, RAHMAN M, SHIODA T. **Genotype replacement of dengue virus type 3 and clade replacement of dengue virus type 2 genotype Cosmopolitan in Dhaka, Bangladesh in 2017**. *Infect Genet Evol*. 2019 Nov;75:103977. doi: 10.1016/j.meegid.2019.103977. Epub 2019 Jul 24. PMID: 31351235.

GARCÍA MP, PADILLA C, FIGUEROA D, MANRIQUE C, CABEZAS C. **Emergence of the Cosmopolitan genotype of dengue virus serotype 2 (DENV2) in Madre de Dios, Peru, 2019**. *Rev Peru Med Exp Salud Publica*. 2022 Jan-Mar;39(1):126-128. English, Spanish. doi: 10.17843/rpmesp.2022.391.10861. Epub 2022 Jun 24. PMID: 35766734.

RICO-HESSE R, HARRISON LM, SALAS RA, TOVAR D, NISALAK A, RAMOS C, BOSHELL J, DE MESA MT, NOGUEIRA RM, DA ROSA AT. **Origins of dengue type 2 viruses associated with increased pathogenicity in the Americas**. *Virology*. 1997 Apr 14;230(2):244-51. doi: 10.1006/viro.1997.8504. PMID: 9143280.

MINISTÉRIO DA SAÚDE. SECRETARIA DE VIGILÂNCIA EM SAÚDE. COORDENAÇÃO-GERAL DE LABORATÓRIOS DE SAÚDE PÚBLICA. **Manual de Procedimentos Obrigatórios para o sequenciamento de arbovírus na Rede Nacional de Sequenciamento Genético**. Brasília – DF, Maio/2023.

## REFERÊNCIA

PIALOUX, G. et al. **Chikungunya, an epidemic arbovirolosis.** *The Lancet infectious diseases*, Elsevier, v. 7, n. 5, p. 319–327, 2007.

PEREIRA, H. W. B. **Caracterização genética do vírus Chikungunya circulante no Estado do Rio Grande do Norte.** Dissertação (Mestrado) — Brasil, 2018.

CHU, J. J. H.; ANG, S. K. **Chikungunya Virus: Methods and Protocols.** [S.l.]: Springer, 2016.

GRUBAUGH, N. D. et al. **Tracking virus outbreaks in the twenty-first century.** *Nature microbiology*, Nature Publishing Group UK London, v. 4, n. 1, p. 10–19, 2019.



**CEARÁ**  
**GOVERNO DO ESTADO**  
SECRETARIA DA SAÚDE