



NOTA TÉCNICA

Vigilância Genômica dos arbovírus com circulação no estado do Ceará

Nº 06 | 06/06/2025



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 de 26 a 30 de maio de 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 13/03/2025 a 20/05/2025 (semanas epidemiológicas (SE) de 11 a 21 de 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 dispersão 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 e ZIKV) 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-CE) 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 **13/03/2025 a 20/05/2025**, das amostras de casos suspeitos com detecção dos arbovírus (DENV e CHIKV) que foram coletadas em alguns municípios do estado do Ceará.

CENÁRIO EPIDEMIOLÓGICO

Os dados apresentados referem-se ao monitoramento dos anos de 2024/2025, considerando o período entre as Semanas Epidemiológicas (SE) 1 de 2024 e 22 de 2025 para dengue e chikungunya

DENGUE | CENÁRIO EPIDEMIOLÓGICO

	SE22/2024	SE22/2025*	VARIAÇÃO	SE22/2025*	Nº
Notificados	36.884	12.282	- 66,7%	Dengue com sinais de alarme	15
Confirmados	8.474	1.855	- 78,1%	Dengue grave	02
Prováveis	8.792	4.475	- 49,1%	Óbito	00

Fonte: SESA/SEVIG/COPEP/CEVEP/Sinan *Dados atualizados em 29/05/2025

Até a SE 22 de 2025, foram notificados no Ceará 12.282 casos suspeitos de dengue no Sinan, destes 15,1% (1.855/12.282) foram confirmados e 63,5% (7.807/12.282) foram descartados. Em 2025, observa-se uma redução nos registros de casos no estado quando comparado ao mesmo período de 2024.

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

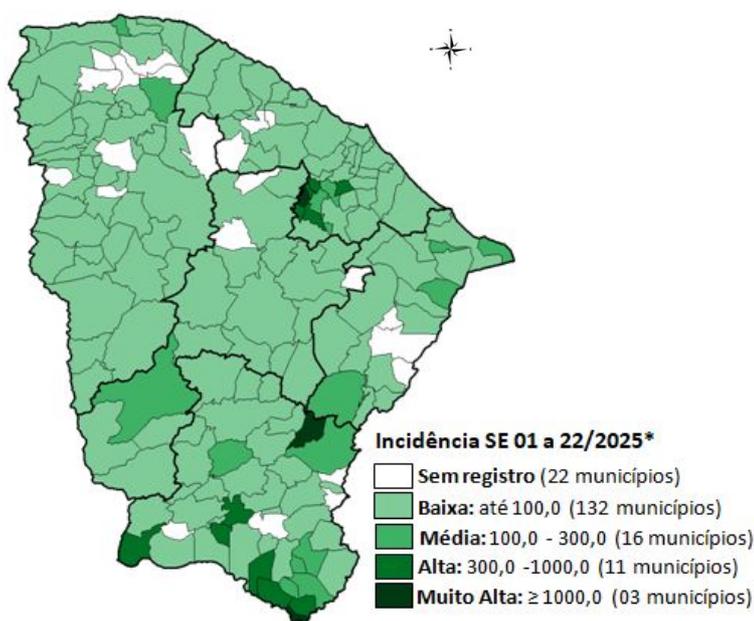
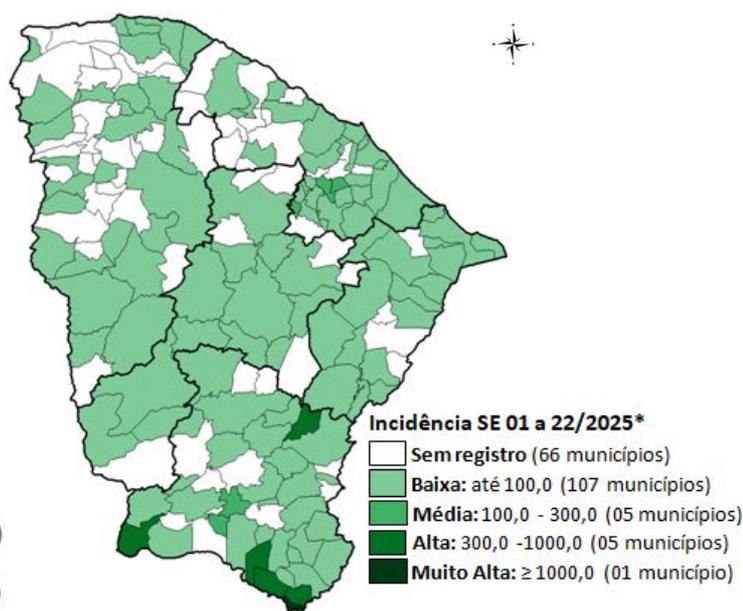


Figura 2. Mapa de incidência de casos confirmados, Ceará 2025*



Fonte: Sinan *Dados atualizados em 29/05/2025

DENGUE - DETECÇÃO VIRAL | 2025*

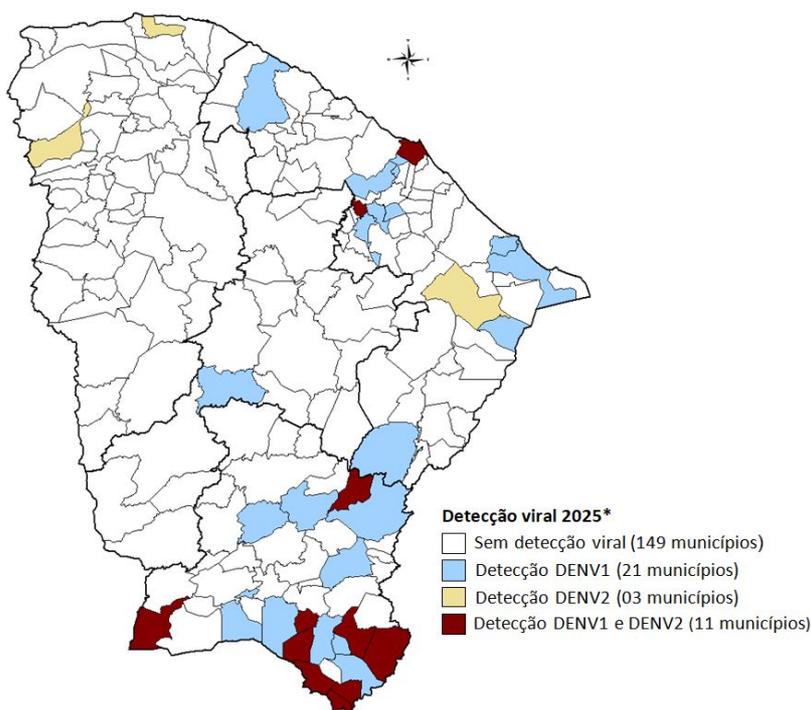
Circulação dos Sorotipos D1 e D2

Teste de Biologia molecular RT-qPCR

- N° amostras cadastradas: 4.725 amostras
 - N° amostras liberadas: 78,6% (3.716/4.725) amostras
 - N° amostras não detectáveis: 87,4% (3.246/3.716) amostras
 - N° amostras com detecção do DENV: 12,6% (470/3.716) amostras
- DENV1 75,1% (353/470) das detecções
 - DENV2 24,5% (115/470) das detecções
 - DENV1 e DENV2 0,4% (02/470) das detecções

Percentual de Municípios com envio de amostras para o teste de PCR: **79,3% (146/184)**

Figura 3. Detecção viral, Ceará, 2025*



Observa-se predominância na circulação do sorotipo DENV1 em relação ao sorotipo DENV2 em 60,0% (21/35) dos municípios do estado.

Municípios com maior circulação dos Sorotipos D1 e D2

- **Orós:** D1 (126 casos confirmados) e D2 (01 caso confirmado)
- **Penaforte:** D1 (11 casos confirmados) e D2 (67 casos confirmados)
- **Brejo Santo:** D1 (12 casos confirmados)
- **Barbalha:** D1 (50 casos confirmados) e D2 (19 casos confirmados)
- **Jardim:** D1 (53 casos confirmados), D2 (07 casos confirmados) e D1 e D2 (02 casos)
- **Redenção:** D1 (25 casos confirmados)
- **Acarape:** D1 (14 casos confirmados)
- **Milagres:** D1 (05 casos confirmados) e D2 (04 casos confirmados)

Observa-se a predominância na circulação do sorotipo **DENV1** nos municípios (Orós, Penaforte, Brejo Santo, Barbalha, Jardim e Milagres) que fazem parte da região Sul do estado, com **73% (257/353)** do total das amostras com detecção.

CHIKUNGUNYA | CENÁRIO EPIDEMIOLÓGICO

SE22/2024 SE22/2025* VARIÇÃO

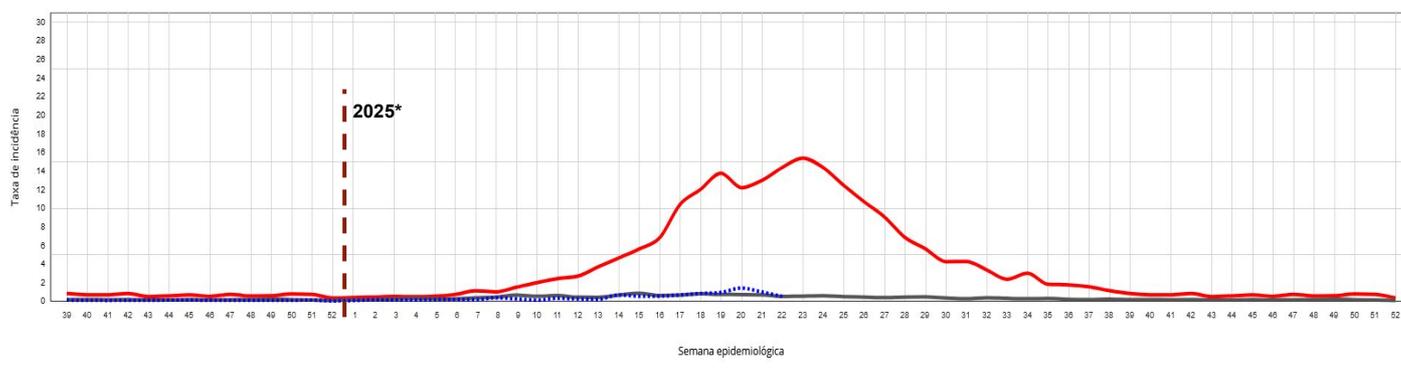
Notificados	7.367	3.077	- 58,2%
Confirmados	604	267	- 55,7%
Prováveis	781	689	- 11,7%

Incidência de casos prováveis nas últimas cinco semanas.
4,5 casos por 100 mil/hab.
BAIXA

Fonte: SESA/SEVIG/COPEP/CEVEP/SINAN. *Dados atualizados em 29/05/2025

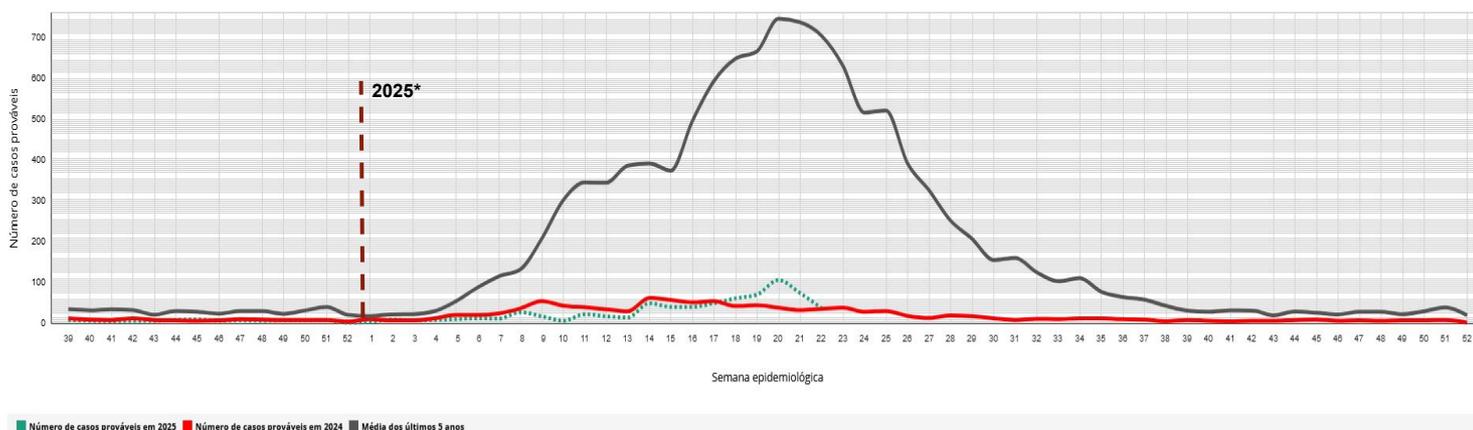
Dos casos notificados de chikungunya em 2025, até o momento, 267 foram confirmados, destes, 231 foram pelo critério laboratorial. As confirmações são de pacientes residentes em 48 municípios. Destacam-se os municípios de Russas (86), Aracati (46), Fortaleza (19), Baturité (14), e Aratuba (11), onde se concentram mais casos. Seguem em investigação 422 casos. Sem registro de óbito suspeito.

DIAGRAMA DE CONTROLE DE CHIKUNGUNYA | 2025*



Fonte: IntegraSUS *Dados atualizados em 29/05/2025

CURVA EPIDÊMICA DOS CASOS PROVÁVEIS DE CHIKUNGUNYA



Fonte: IntegraSUS *Dados atualizados em 29/05/2025

AMOSTRAGEM

Foram selecionadas para serem sequenciadas 47 amostras detectáveis para arboviroses, sendo 17 amostras DENV1, 10 amostras DENV2 e 20 amostras CHIKV (Figura 01), cuja coleta ocorreu no período de 13/03/2025 a 20/05/2025 com Ct (Cycle Threshold) ≤ 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.

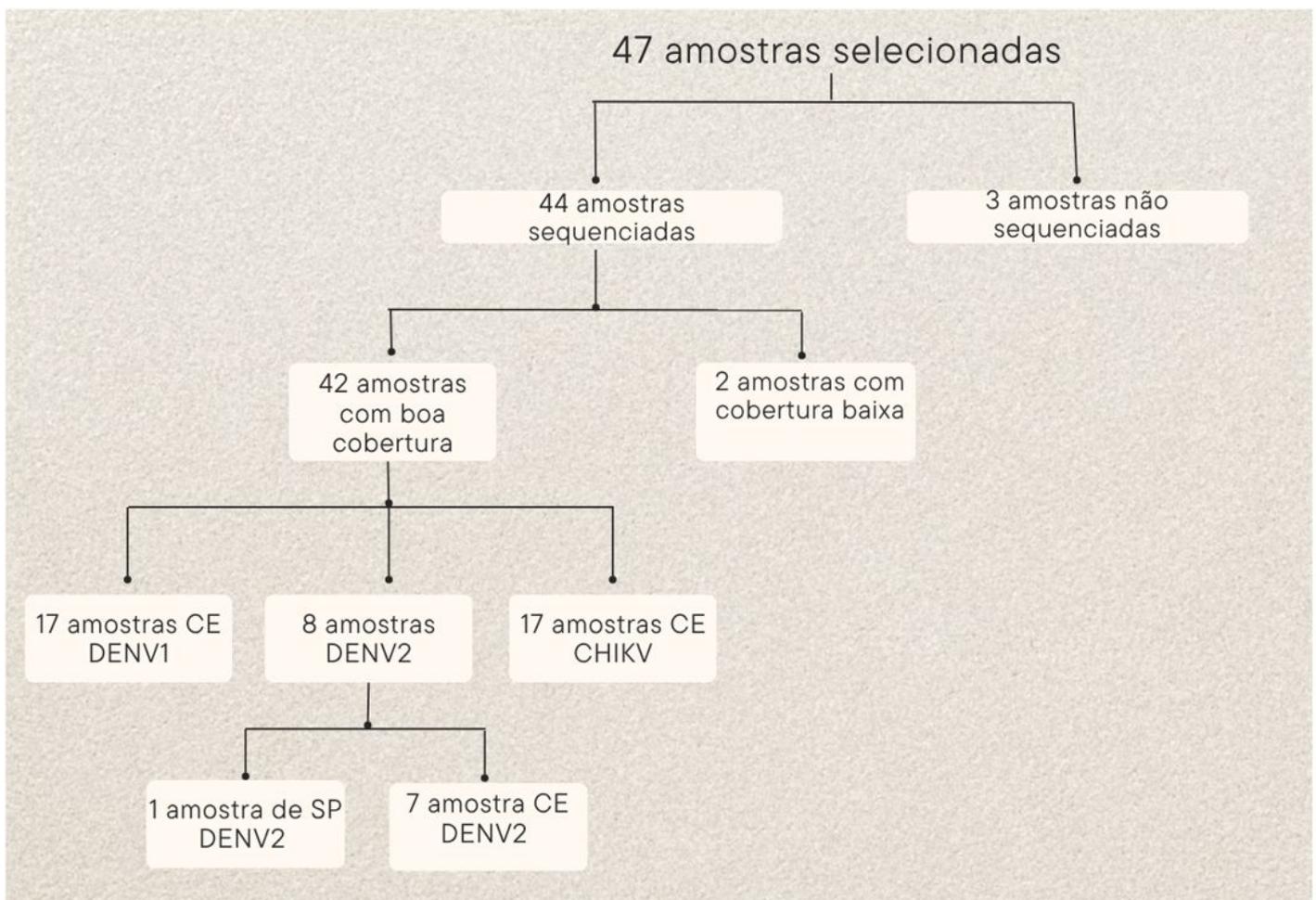


Figura 1: Fluxograma das amostras selecionadas com detecção dos arbovírus (DENV1, DENV2 e CHIKV). Período de 13/03/2024 a 20/05/2025 (semanas epidemiológicas (SE) de 11 a 21 de 2025).

Fonte: LACEN-CE. Dados atualizados em 29/05/2025

MÉTODO

O sequenciamento foi realizado utilizando a tecnologia Illumina no equipamento MiSeq™, onde 42 dos genomas obtidos possuíam cobertura acima de 60,1% e 2 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 (05), Aracati (02), Barbalha (01), Caucaia (02), Fortaleza (07), Icó (1), Jaguaribe (01), Jardim (05), Milagres (01), Orós (01), Pacoti (1), Redenção (04), Russas (08) e Tianguá (02). Uma amostra tinha como município de residência o município de São Carlos, interior de São Paulo.

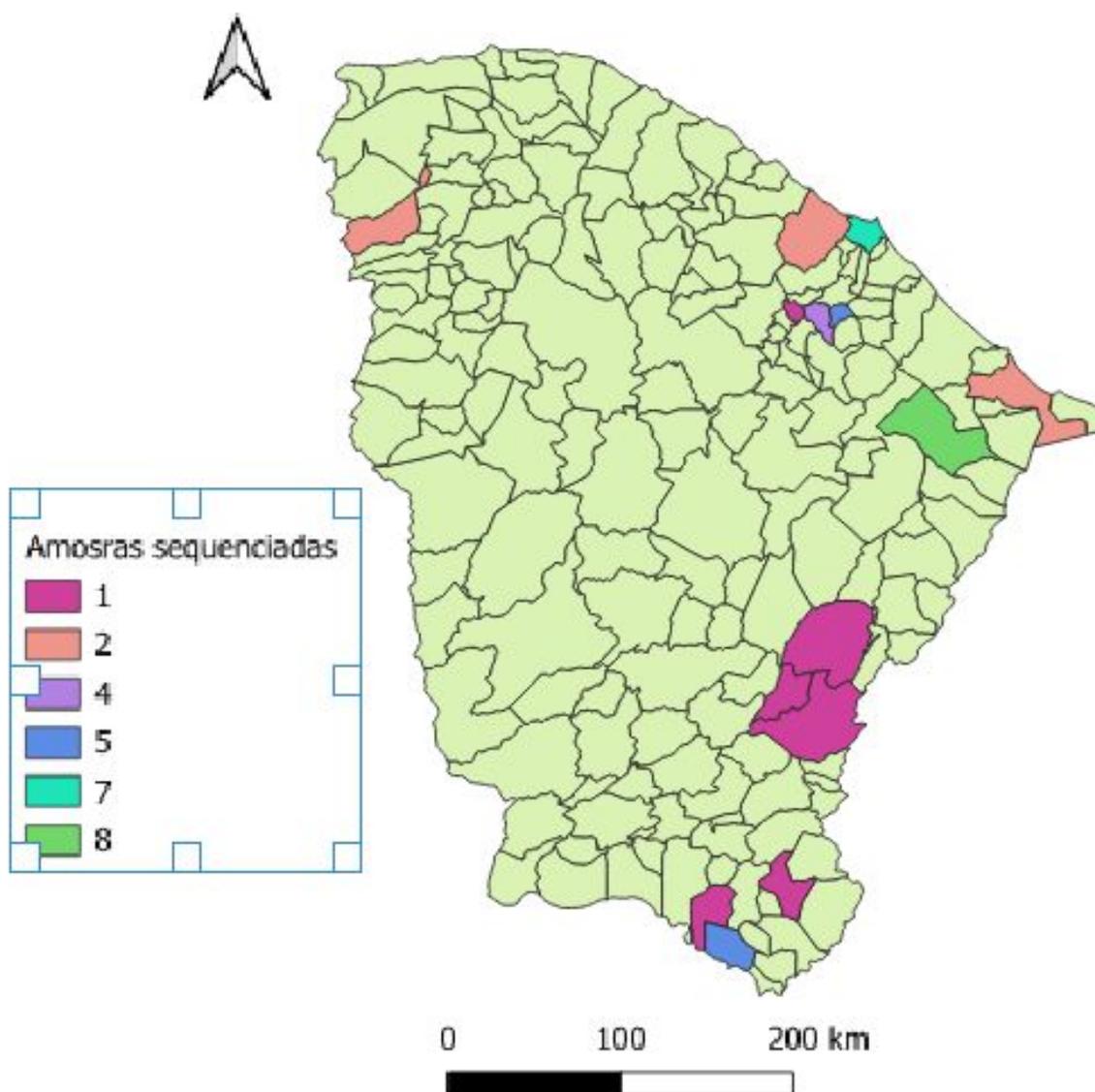


Figura 2: Distribuição espacial das amostras sequenciadas com detecção dos arbovírus (DENV1, DENV2 e CHIKV) segundo município de residência, Ceará,

Fonte: LACEN-CE. Dados atualizados em 29/05/2025

RESULTADOS

Analisando as amostras sequenciadas por sexo, 58,5% eram de pacientes do sexo feminino (24/41) (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	17	41,5
Feminino	24	58,5
Faixa Etária (anos)		
0 - 10	7	17,1
11 – 20	7	17,1
21 – 40	12	29,3
41 – 60	13	31,7
61 – 80	2	4,8

Tabela 1: Sexo e faixa etária dos pacientes cujas amostras foram sequenciadas para arbovírus DENV1, DENV2 e CHIKV. Período de 13/03/2025 a 20/05/2025.

Fonte: LACEN-CE. Dados atualizados em 29/05/2025.

RESULTADOS

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

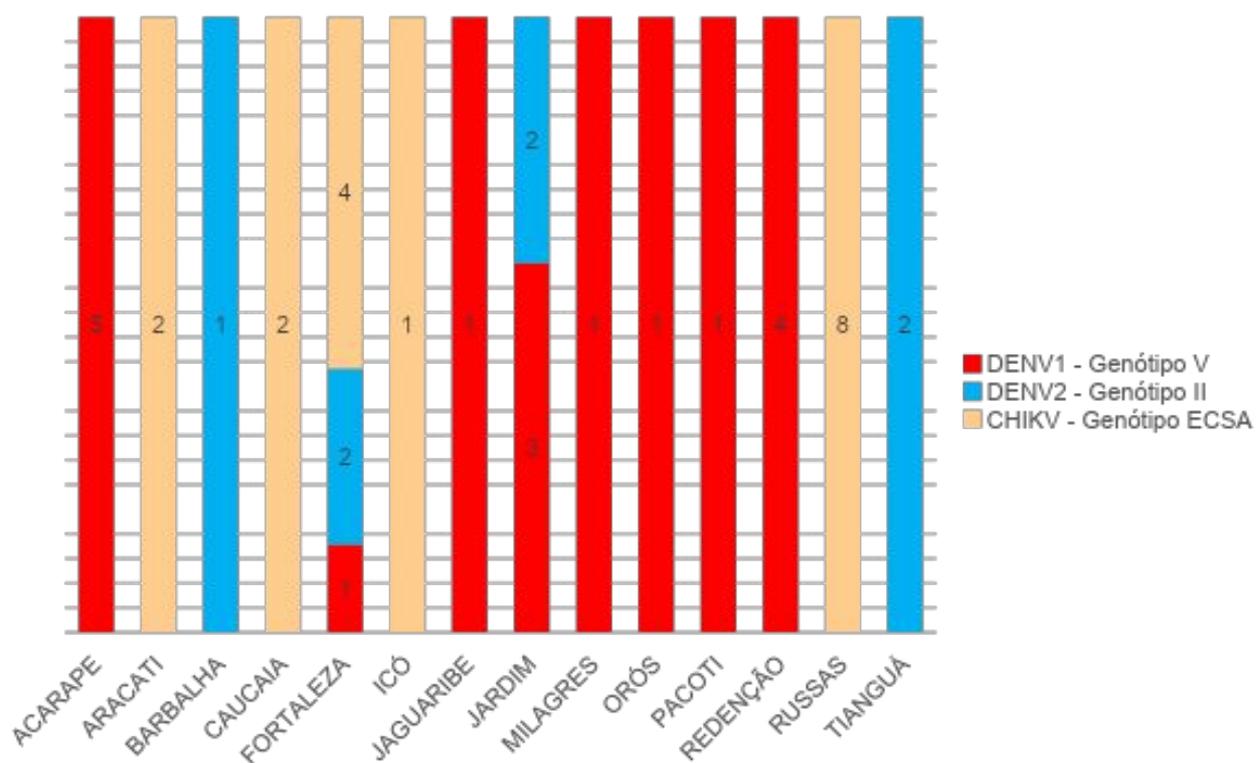


Figura 4: Genótipos de DENV1, DENV2 e CHIKV sequenciados no LACEN/Ceará distribuídas por municípios. Período de 13/03/2025 a 20/05/2025.

Fonte: LACEN-CE. Dados atualizado em 29/05/2025.

AGRAVO	SOROTIPO	GENÓTIPO	GENOMAS OBTIDOS
DENGUE	DENV1	V	17
DENGUE	DENV2	II	7
CHIKUNGUNYA	CHIK	ECSA	17

Tabela 2: Sorotipo e genótipo das amostras que foram analisadas para arbovírus DENV1, DENV2 e CHIKV. Período de 13/03/2025 a 20/05/2025.

Fonte: LACEN-CE. Dados atualizados em 29/05/2025

RESULTADOS

Duas amostras oriundas do município de Jardim e que tiveram resultado de RT-qPCR detectável para DENV1 e DENV2 foram sequenciadas e obtivemos como resultado para DENV1 o genótipo V e para DENV2 o genótipo II, confirmando uma coinfeção nas duas amostras (Tabela 3).

Amostra	DENV1 - Genótipo	DENV2 - Genótipo
A266/25	V	II
A267/25	V	II

Tabela 3: Amostras em que foram detectados DENV1 e DENV2 na mesma amostra e seus genótipos. Período de 13/03/2025 a 20/05/2025.

Fonte: LACEN-CE. Dados atualizados em 29/05/2025

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 13/03/2025 a 20/05/2025, foi identificado o genótipo V do DENV1, o genótipos II do DENV2 e o genótipo ECSA do CHIKV.

Também foi confirmada a coinfeção de duas amostras com o DENV1 e DENV2 dentre as amostras sequenciadas.

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 arboviroses, 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, EGAWA A, 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 arbovirosis.** *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