

NOTA TÉCNICA

Vigilância Genômica dos arbovírus com circulação no estado do Ceará

Nº 13 | 20/11/2025



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO
SECRETARIA DA SAÚDE

APRESENTAÇÃO

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

Orientador da Célula de Vigilância e prevenção de doenças

transmissíveis e não transmissíveis
Carlos Garcia Filho

Elaboração

Shirlene Telmos Silva de Lima
Vânia Angélica Feitosa Viana

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
Márcia Rogislene Fernandes
Rosiane Marcelino Lobo Fernandes
Hélver Gonçalves Dias
Kiliana Nogueira Farias da Escóssia
Glaubenia Gomes dos Santos

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 10 a 14 de novembro de 2025, de amostras de casos suspeitos de dengue e 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 04/08/2025 a 23/10/2025, correspondente as semanas epidemiológicas 32 a 43.



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO
SECRETARIA DA SAÚDE

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 (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 o fluxo gênico dos sorotipos do DENV têm causado maior predisposição dos mesmos a essa diversidade (DOLAN et al, 2021). O vírus tem alto impacto na saúde pública, especialmente no Brasil e em outros países tropicais e subtropicais, devido à sua ampla distribuição e à sua capacidade em causar significativa morbidade e mortalidade em humanos (LINDENBACH, THIEL & RICE, 2007). Diante disso, é essencial monitorar e acompanhar o surgimento de novos sorotipos e genótipos.

A imunidade vitalícia desenvolvida após a infecção por um dos quatro tipos de vírus é específica por sorotipo, 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).

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 e 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 04/08/2025 a 23/10/2025, das amostras de casos suspeitos com detecção dos **sorotipos** (DENV1, DENV2 e DENV3) que foram coletadas em alguns municípios do estado do Ceará.

INTRODUÇÃO

Os dados apresentados referem-se ao monitoramento dos anos de 2024/2025, considerando o período entre as Semanas Epidemiológicas (SE) 1 de 2024 a 46 de 2025 para dengue, chikungunya, Zika e Oropouche. Para mais informações sobre o cenário das Arboviroses consulte o link do IntegraSUS abaixo.

Link: [IntegraSUS](#)

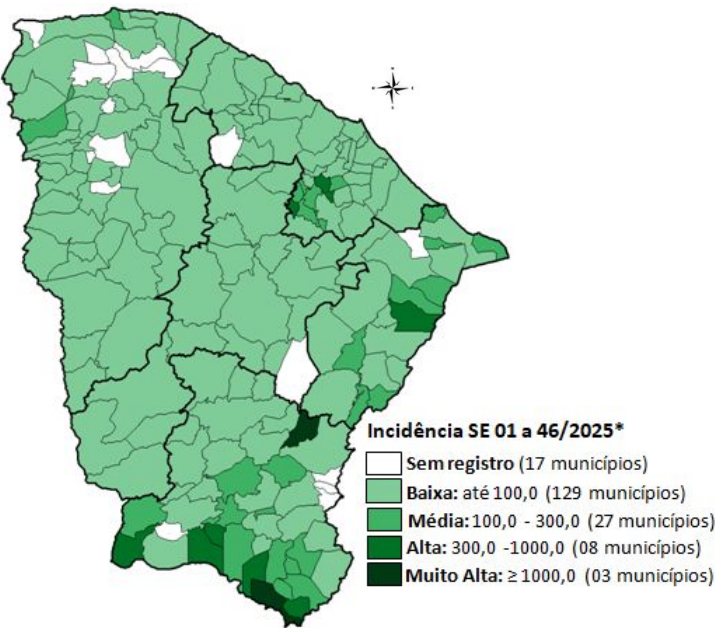
DENGUE | CENÁRIO EPIDEMIOLÓGICO

	SE46/2024	SE46/2025*	VARIAÇÃO	SE46/2025*	Nº
Notificados	48.717	23.285	- 52,2%	Dengue com sinais de alarme	76
Confirmados	11.750	4.354	- 62,9%	Dengue grave	09
Prováveis	12.290	5.712	- 53,5%	Óbitos	03

Fonte: SESA/SEVIG/COVEP/CEVEP/Sinan *Dados atualizados em 10/11/2025

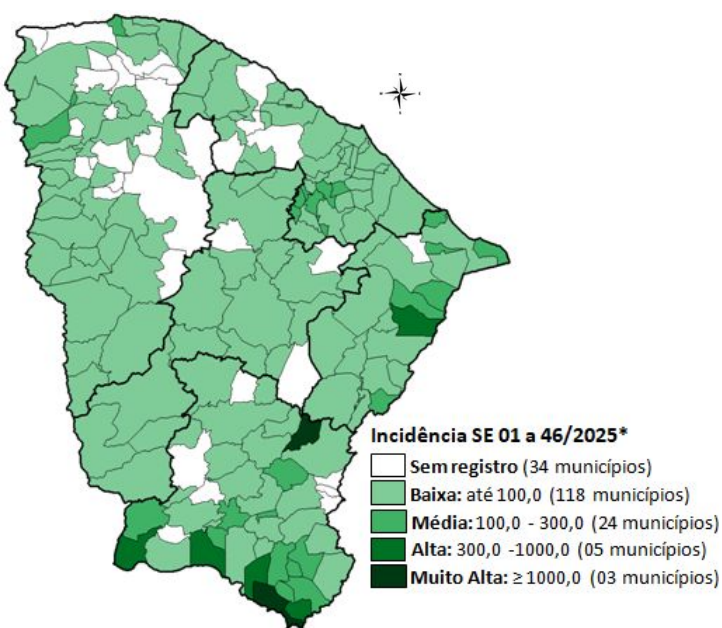
Até a SE 46 de 2025, foram notificados no Ceará 23.285 casos suspeitos de dengue no Sinan, destes 16,7% (4.354/23.285) foram confirmados e 75,5% (17.573/23.285) foram descartados. Em 2025, observa-se uma redução nos registros de casos no estado quando comparado ao mesmo período de 2024.

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



Fonte: SESA/SEVIG/COVEP/CEVEP/Sinan *Dados atualizados em 10/11/2025

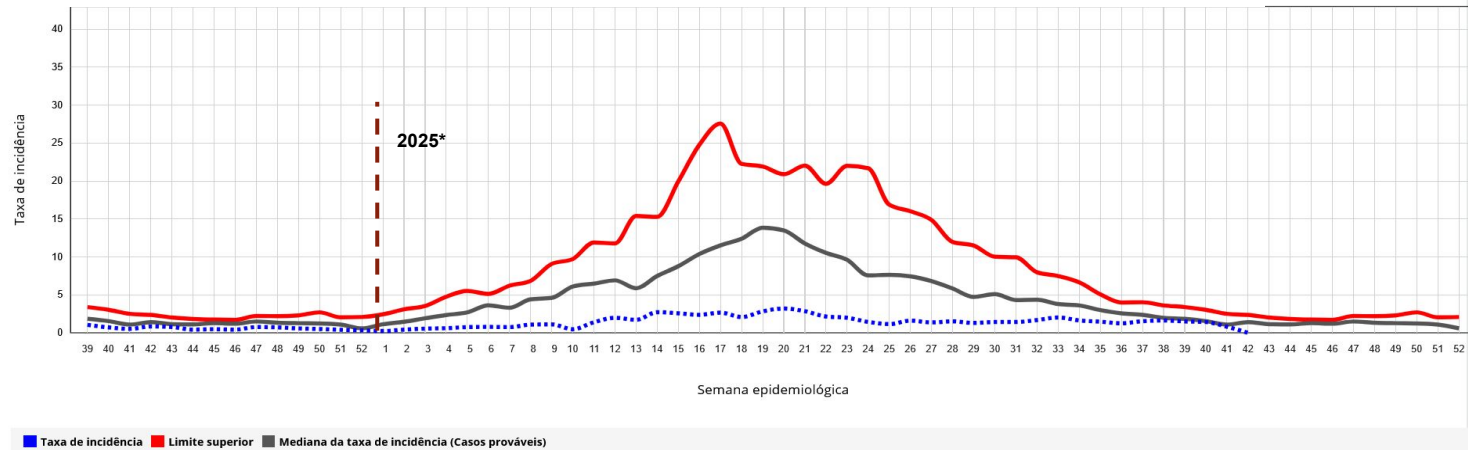
Figura 2. Mapa de incidência acumulada dos casos confirmados, Ceará 2025*



A figura 1 mostra a situação dos municípios conforme a taxa de **incidência acumulada para os casos prováveis**. Observa-se que 5,9% (11/184) dos municípios do estado apresentaram risco de epidemia, com registros de incidências altas (300 a 1.000 casos por 100 mil habitantes) e muito alta (superior a 1.000 casos por 100.000 habitantes).

No entanto, a figura 2 revela que a **incidência acumulada dos casos confirmados de dengue** foi considerada elevada em 72,7% (8/11) dos municípios caracterizados como em risco de epidemia (Penaforte, Jardim, Orós, Tabuleiro do Norte, Salitre, Jati, Barbalha e Santana do Cariri).

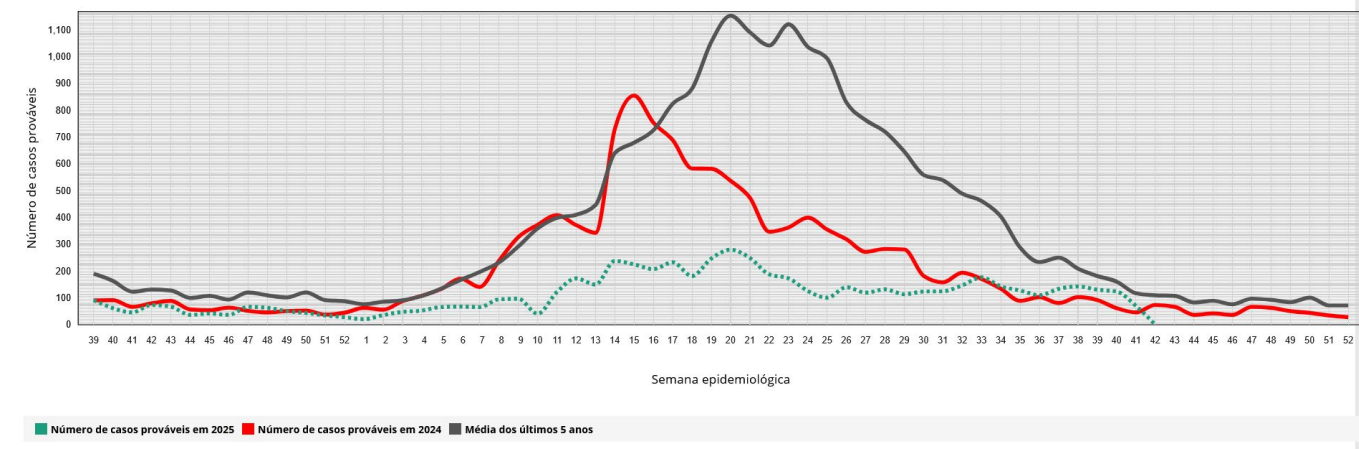
DIAGRAMA DE CONTROLE DA DENGUE | 2025*



Fonte: INTEGRASUS *Dados atualizados em 10/11/2025

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.

CURVA EPIDÊMICA DOS CASOS PROVÁVEIS DE DENGUE



Fonte: IntegraSUS *Dados atualizados em 10/11/2025

A curva de casos indica que, no ano em curso, os registros de casos nas últimas cinco semanas são superiores aos observados em 2024, no entanto, inferiores à curva da média dos últimos 5 anos.

DENGUE - DETECÇÃO VIRAL | 2025*

Teste de Biologia molecular RT-qPCR

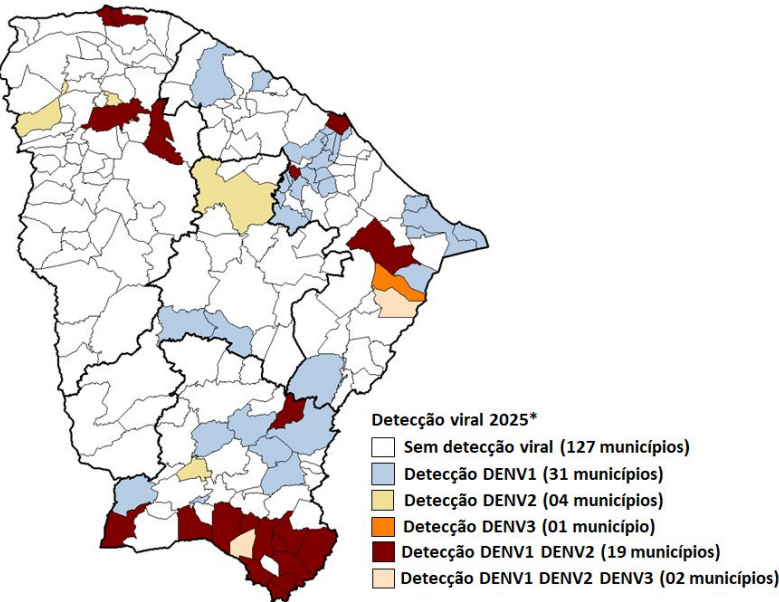
- N° amostras cadastradas: 9.026 amostras
- N° amostras liberadas: 75,9% (6.850/9.026) amostras
- N° amostras não detectáveis: 86,7% (5.938/6.850) amostras
- N° amostras com detecção do DENV: 13,3% (912/6.850) amostras

Percentual de municípios com envio de amostras para o teste de PCR: 87,5% (161/184)

Circulação dos Sorotipos

- DENV1: 68,5% (625/912) das detecções
- DENV2: 28,8% (263/912) das detecções
- DENV1 e DENV2: 0,4% (04/912) das detecções
- DENV3: 2,2% (20/912) das detecções

Figura 6. Detecção viral, Ceará, 2025*



Até a SE 46, foram confirmadas 20 detecções do sorotipo DENV3 no estado:

- Barbalha: 03 detecções
- Limoeiro do Norte: 11 detecções
- Tabuleiro do Norte: 06 detecções

Na figura 6, observa-se predominância na circulação do sorotipo DENV1 em relação ao sorotipo DENV2 em 54,5% (31/57) dos municípios do estado.

Municípios com maior circulação dos Sorotipos DENV1, DENV2 e DENV3

Municípios	DENV1	DENV2	DENV3	Total Geral
ORÓS	161	1		162
BARBALHA	90	32	3	125
TABULEIRO DO NORTE	17	91	6	114
JARDIM	80	13		93
PENAFORTE	11	70		81
REDENÇÃO	33			33
CRATO	28	1		29
SANTANA DO CARIRI	21	8		29
FORTALEZA	15	8		23
BREJO SANTO	19	2		21
JATI	10	7		17
ACARAPE	15			15
MILAGRES	9	6		15
FORTIM	14			14
LIMOEIRO DO NORTE			11	11

Observa-se que o sorotipo **DENV1** circula de forma predominante na região Sul do estado, com destaque para os municípios de Orós, Barbalha, Jardim, Crato, Brejo Santo, Santana do Cariri, Jati e Milagres que tiveram maior número de detecções, com 45,8%% (418/912) do total das amostras em todo estado.

AMOSTRAGEM

Foram selecionadas 47 amostras detectáveis para arbovírus (Figura 01), cuja coleta ocorreu no período de 04/08/2025 a 23/10/2025 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.

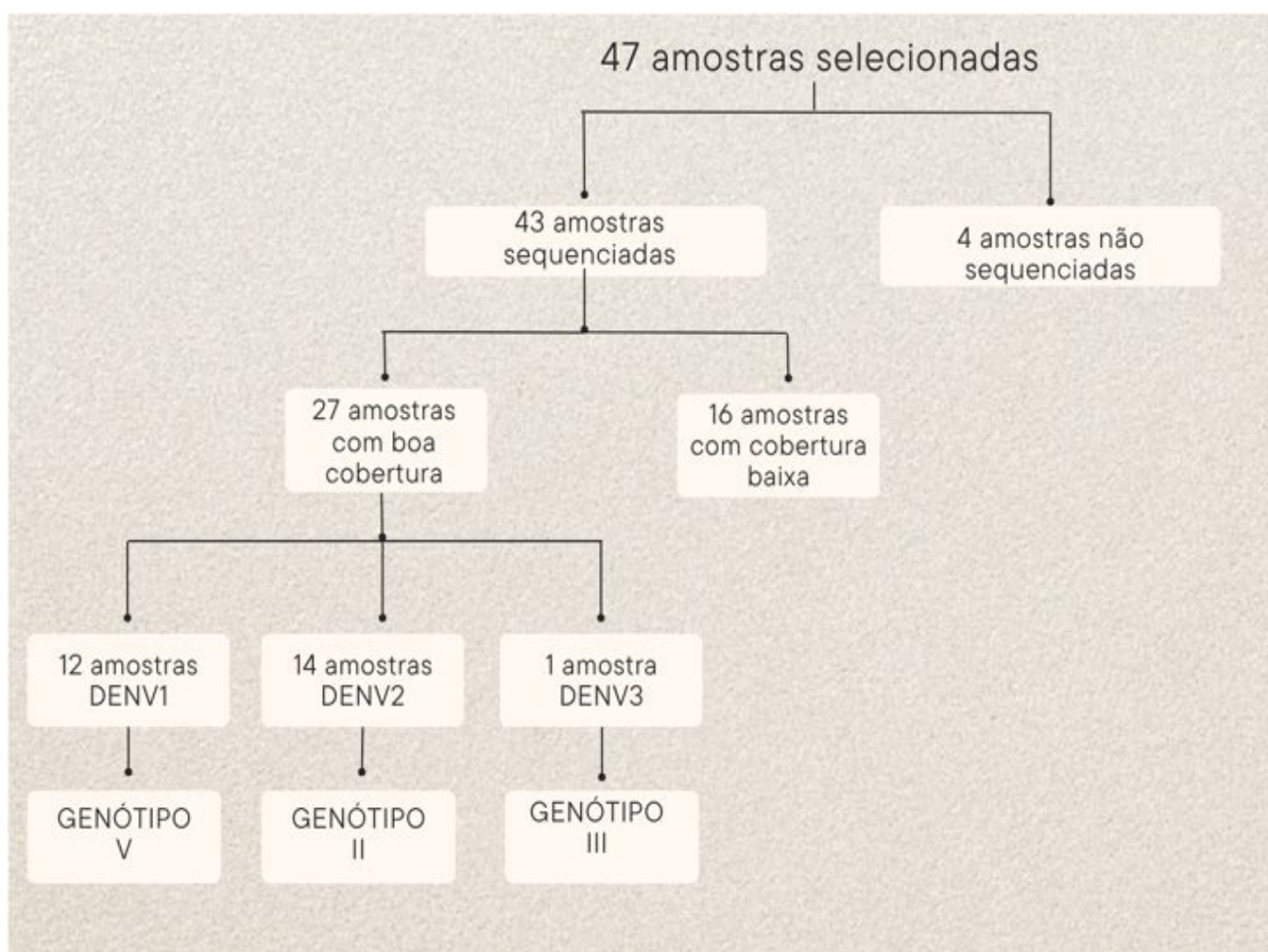


Figura 1: Fluxograma das amostras selecionadas com detecção dos sorotipos (DENV1, DENV2 e DENV3). Período de 04/08/2025 a 23/10/2025.

Fonte: Sistema de Gerenciamento do Ambiente Laboratorial (GAL), LACEN-CE. Dados atualizados em 14/10/2025

MÉTODO

O sequenciamento foi realizado utilizando a tecnologia Illumina no equipamento MiSeq™.

As sequências genômicas dos sorotipos (DENV1, DENV2 e DENV3) 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 Nextclade (<https://clades.nextstrain.org/>).

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

RESULTADOS

Dos 47 genomas obtidos neste sequenciamento, 27 possuíram cobertura acima de 63,6%, sendo considerados para as análises subsequentes. Entre as amostras com detecção de DENV, a distribuição por município de residência foi a seguinte: Aracati (01), Fortaleza (01), Fortim (1), Guaramiranga (01), Itaiçaba (02), Pacatuba (01), Paraipaba (01), Senador Pompeu (02), Sobral (01) e Tabuleiro do Norte (16). A figura 2 ilustra essa distribuição geográfica reforçando a dispersão dos casos nas diferentes localidades.

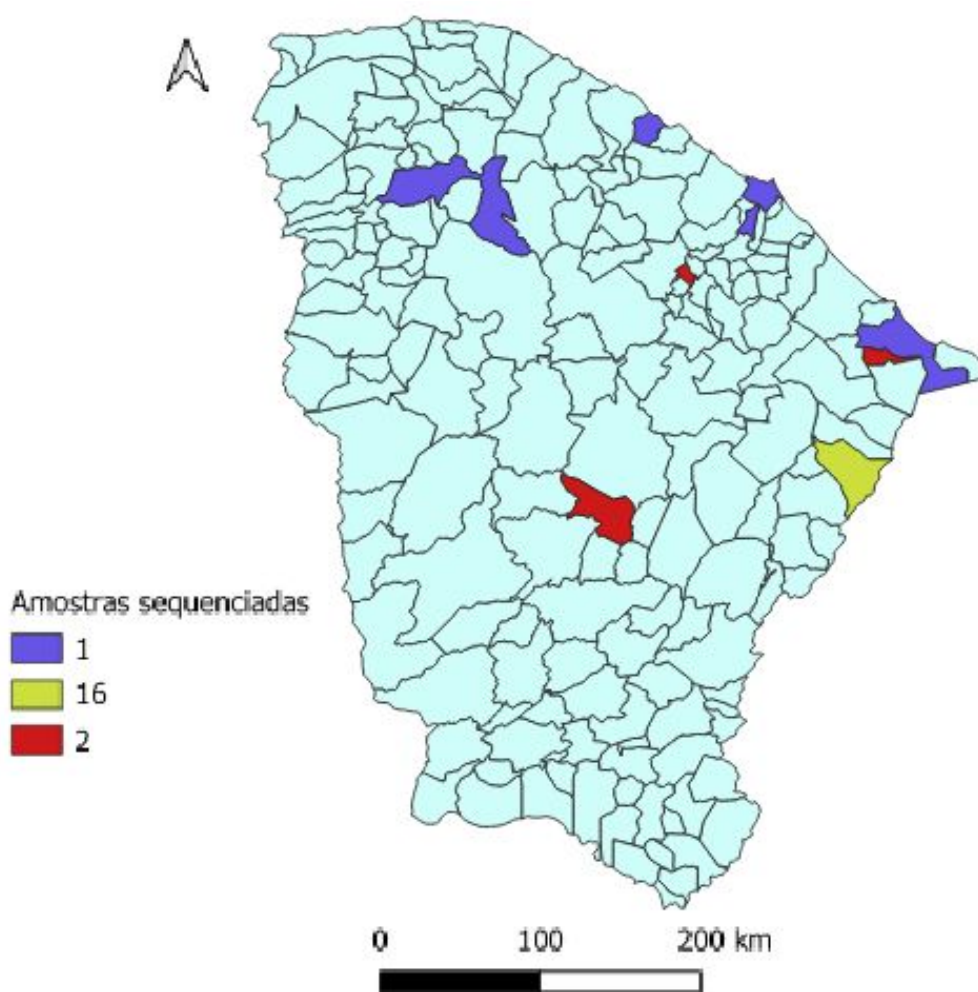


Figura 2: Distribuição espacial das amostras sequenciadas com detecção dos sorotipos (DENV1, DENV2 e DENV3) segundo município de residência, Ceará,

Fonte: Sistema de Gerenciamento do Ambiente Laboratorial (GAL), LACEN-CE. Dados atualizados em 14/10/2025

RESULTADOS

Em relação ao perfil demográfico, a análise das amostras sequenciadas revelou predominância no sexo feminino, representando 59,3% dos casos (16/27) (Tabela 1). Quanto à distribuição etária, observou-se maior concentração de casos na faixa de 11 a 20 anos.

Variável	N	%
Sexo		
Masculino	11	40,7
Feminino	16	59,3
Faixa Etária (anos)		
0 - 10	0	0
11 – 20	5	18,5
21 – 40	14	51,9
41 – 60	3	11,1
61 – 80	3	11,1
>80	2	7,4

Tabela 1: Sexo e faixa etária dos pacientes cujas amostras foram sequenciadas para arbovírus DENV1, DENV2 e DENV3. Período de 04/08/2025 a 23/10/2025.

Fonte: Sistema de Gerenciamento do Ambiente Laboratorial (GAL), LACEN-CE. Dados atualizados em 14/10/2025.

RESULTADOS

As análises genômicas demonstraram a continuidade da circulação dos seguintes genótipos virais nos municípios estudados: DENV-1 (Genótipo V), DENV-2 (Genótipo II) e DENV-3 (Genótipo III), conforme apresentado na Figura 4 e Tabela 2.

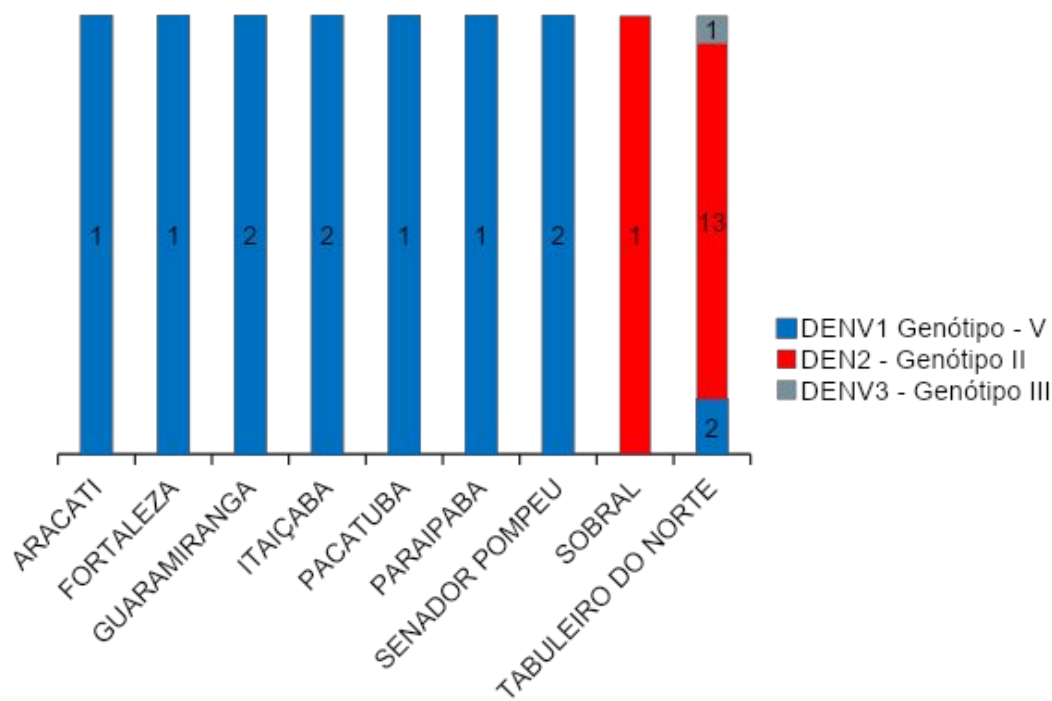


Figura 4: Genótipos de DENV1, DENV2 e DENV3 sequenciados no LACEN/Ceará distribuídos por municípios. Período de 04/08/2025 a 23/10/2025.

Fonte: Sistema de Gerenciamento do Ambiente Laboratorial (GAL), LACEN-CE. Dados atualizado em 14/10/2025.

AGRAVO	SOROTIPO	GENÓTIPO	GENOMAS OBTIDOS
DENGUE	DENV1	V	12
DENGUE	DENV2	II	14
DENGUE	DENV3	III	1

Tabela 2: Sorotipo e genótipo das amostras que foram analisadas para arbovírus DENV1, DENV2 e DENV3. Período de 04/08/2025 a 23/10/2025.

Fonte: Sistema de Gerenciamento do Ambiente Laboratorial (GAL), LACEN-CE. Dados atualizados em 14/10/2025.

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 04/08/2025 a 23/10/2025, foi identificado o genótipo V do DENV1, o genótipo II do DENV2 e o genótipo III do DENV3. 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, monitoramento de ESAVI, bem como detecção da introdução de novas linhagens e genótipos no estado do Ceará.

RECOMENDAÇÕES

- Monitoramento contínuo dos arbovírus – DENV1, DENV2, DENV3 e DENV4, CHIKV, ZIKV, MAY e ORO – e de outros de possível introdução no estado, 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 eliminar com os criadouros do mosquito do gênero *Aedes*, principal transmissor dos arbovírus.

Dessa forma, o sequenciamento genético torna-se uma ferramenta imprescindível para o monitoramento do padrão de circulação dos arbovírus, 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 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.

NAVECA, F. G. Santiago GA, Maito RM, Ribeiro Meneses CA, do Nascimento VA, de Souza VC, do Nascimento FO, Silva D, Mejía M, Gonçalves L, de Figueiredo RMP, Ribeiro Cruz AC, Diniz Nunes BT, Presibella MM, Quallio Marques NF, Riediger IN, de Mendonça MCL, de Bruycker-Nogueira F, Sequeira PC, de Filippis AMB, Resende P, Campos T, Wallau GL, Gräf T, Delatorre E, Kopp E, Morrison A, Muñoz-Jordán JL, Bello G. **Reemergence of Dengue Virus Serotype 3, Brazil, 2023.** *Emerg Infect Dis.* 2023 Jul;29(7):1482-1484. doi: 10.3201/eid 2907.230595. PMID: 37347884; PMCID: PMC10310385. Disponível em: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/29/7/23-0595_article



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO
SECRETARIA DA SAÚDE