

NOTA INFORMATIVA

Vigilância Genômica

Nº 01

28/11/2022



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO

SECRETARIA DA SAÚDE

APRESENTAÇÃO

Governadora do Estado do Ceará
Maria Izolda Cela de Arruda Coelho

**Secretária Executiva de
Vigilância em Saúde**
Sarah Mendes D'Angelo

**Coordenadora de Vigilância
Epidemiológica e Prevenção
em Saúde**
Ricristhi Gonçalves de Aguiar Gomes

**Orientadora da Célula de
Resposta às Emergências
em Saúde Pública**
Maria Vilani de Matos Sena

**Orientadora da Célula de
Vigilância Epidemiológica**
Juliana Alencar Moreira Borges

**Diretora-Geral do Laboratório
Central de Saúde Pública do Ceará**
Liana Perdigão Mello

Elaboração e revisão
Aline Freitas Rodrigues
Ana Carolina Barjud M. Máximo
Karizya Holanda Veríssimo Ribeiro
Nicole Silva França
Pâmela Maria Costa Linhares
Rosiane Marcelino Lobo Fernandes
Shirlene Telmos Silva de Lima



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO
SECRETARIA DA SAÚDE

Existem atualmente mais de 800 linhagens diferentes de SARS-CoV-2 no mundo, porém, apesar do elevado número de linhagens circulantes, apenas algumas preocupam quanto a alterações no comportamento do vírus.

Segundo a Organização Mundial de Saúde (2021), uma variante do SARS-CoV-2 atende à definição de “variante de preocupação” (VOC), quando impacta a saúde pública global no que diz respeito ao:

1. Aumento da transmissibilidade ou alteração prejudicial na epidemiologia da covid-19;
2. Aumento da virulência ou mudança na apresentação clínica da doença;
3. Diminuição da eficácia das medidas sociais e de saúde pública, diagnósticos, vacinas e terapias disponíveis.

Para atender às orientações feitas pelos organismos internacionais de saúde e a demandas governamentais, o Laboratório Central de Saúde Pública (Lacen), em parceria com a Coordenadoria de Vigilância e Epidemiológica e Prevenção em Saúde (Covep), vem por meio deste documento apresentar os critérios para execução do sequenciamento genético no Estado do Ceará.

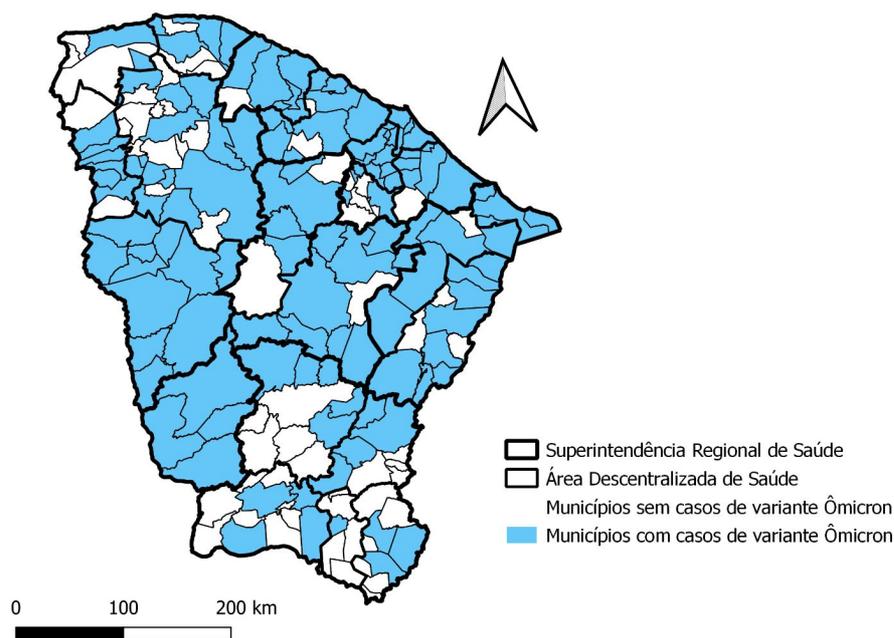
1. INTRODUÇÃO

Cenário

Até a SE 46, foram realizados 7.371 sequenciamentos genômicos totais no estado. Destes, 1.571 (21,3%) são positivos para a variante Gama, 1.377 (18,7%) para variante Delta, 4.240 (57,5%) para a variante Ômicron, um (0,01%) para a variante Alfa, dois (0,03%) para a variante Mi e 180 (2,4%) para linhagens ancestrais.

Ao longo deste ano, a variante com maior circulação no estado é a **Ômicron**, que foi identificada sua circulação em dezembro de 2021. Do total de casos 4023 (94,9%) são residentes do estado e distribuídos em 106 (57,6%) municípios.

Figura 1. Distribuição dos casos positivos para a variante Ômicron, segundo município de residência, Ceará, 2021 a 2022*



Fonte: LACEN/HEMOCE/FIOCRUZ/CIEVS/CEREM/COVEP/SEVIR.

*Dados sujeitos à revisão, atualizados em 24/11/2022.

Recentemente foi identificada a circulação de novas sublinhagens da variante Ômicron no Estado do Ceará. Tratam-se de 11 casos da sublinhagem BQ.1 e três casos da sublinhagem BE.9, com idade média de 45 anos, com predominância do sexo feminino (64,3%). Estes casos estão concentrados na Superintendência de Fortaleza.

2. OBJETIVOS DO SEQUENCIAMENTO

O Laboratório Central de Saúde Pública do Ceará (Lacen), reconhecido por realizar análises laboratoriais de **interesse da vigilância em saúde no estado** e que esteve à frente do diagnóstico molecular da covid-19 desde o início da pandemia com a realização de mais de 908 mil testes de RT-qPCR para pesquisa de SARS-CoV-2, também se dedica à busca de novas metodologias de alta complexidade para ajudar na vigilância e pesquisa de patógenos emergentes e reemergentes no contexto da saúde pública, sendo o sequenciamento genético a tecnologia laboratorial mais avançada no momento.

Diante do cenário epidemiológico no Brasil e no mundo, foi instituída a Rede Nacional de Sequenciamento Genético (RNSG) para a Vigilância em Saúde. Em parceria com a Coordenação Geral de Laboratórios (CGLAB), o Lacen/CE compõe a RNSG e realiza o monitoramento genômico do SARS-CoV-2 no estado do Ceará. O sequenciamento genético tem sido uma ferramenta essencial para gerar dados genômicos, impulsionar a resposta laboratorial no contexto da vigilância em saúde e proporcionar melhor entendimento dos padrões evolutivos e de dispersão do SARS-CoV-2, além de direcionar medidas terapêuticas e contribuir no entendimento da resposta vacinal (MUNNINK et al., 2021).

De acordo com a Nota Técnica Nº 213/2021-CGLAB/DAEVS/SVS/MS, o sequenciamento do genoma completo viral do SARS-CoV-2 é uma ferramenta importante para o conhecimento da disseminação do vírus, tanto no Brasil como em outros países. A caracterização das linhagens virais permite compreender o tipo de vírus que está circulando em determinada região e realizar comparações acerca da circulação das linhagens entre os países e até mesmo dentro do Brasil. É um passo necessário para entender como a linhagem está se comportando e se dispersando em cada região geográfica.

O sequenciamento genético não é um método de diagnóstico e não é realizado para a rotina da confirmação laboratorial de casos suspeitos da covid-19. Também **não é indicado para ser feito para 100% dos casos positivos**. Contudo, a análise do seu resultado permite quantificar e qualificar a diversidade genética viral circulante no país.

A caracterização das linhagens não altera a conduta frente ao tratamento e à adoção de medidas não farmacológicas. Os laudos dos exames serão disponibilizados no Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL), apenas para o Lacen e para a Vigilância Epidemiológica, e não serão divulgados para pacientes e médicos.

Os dados obtidos a partir do sequenciamento genético são dados epidemiológicos, importantes para a saúde pública, que possibilitam sugerir se as mutações identificadas podem influenciar potencialmente na patogenicidade, transmissibilidade e escape à resposta imunológica, além de direcionar medidas diagnósticas ou ainda contribuir no entendimento da resposta vacinal.

3. METODOLOGIA

Para efeitos de vigilância genômica de SARS-CoV-2, de acordo com Ofício Circular Nº 2/2022/CGLAB/DAEVS/SVS/MS de 14 de janeiro de 2022, o qual determina os critérios de seleção de amostras de SARS-CoV-2 para sequenciamento genético pela RNSG.

Para o sequenciamento genético completo, deverão ser selecionadas **pelo Lacen/CE** amostras positivas para SARS-CoV-2 que atendam o critério essencial e um dos critérios de elegibilidade (por prioridade), conforme documento da vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS.

3.1 Critério essencial:

- A amostra deve ter CT (cycle threshold) **menor ou igual a 27** (preferencialmente o menor CT possível).

3.2 Critérios de elegibilidade (por prioridade):

- Amostras de pacientes que evoluíram a óbito;
- Amostras de pacientes que tiveram sintomas graves da doença;
- Amostras de pacientes provenientes de áreas fronteiriças com outros países ou de áreas de circulação de VOC nos últimos 14 dias;
- Amostras de pacientes que tiverem sintomas leves da doença;
- Amostras suspeitas de reinfecção conforme Nota Técnica Nº 52/2020;
- Ressalta-se a importância de incluir amostras com perfil epidemiológico heterogêneo: diferentes faixas etárias, sexo e regiões de abrangência.

3.3 Tipo de amostra

O tipo de amostra para execução do sequenciamento genético trata-se da mesma amostra coletada para RT-PCR para covid-19, swab de nasofaringe, **não necessitando de outros tipos de amostras.**

3.4 Procedimento de coleta de swab de nasofaringe

Coletar o material com um swab de Rayon que será inserido em cada narina e colocá-lo em um tubo contendo o Meio de Transporte Viral. Identificar a amostra com nome completo do paciente de forma legível e com caneta resistente à água. As amostras deverão ser colocadas em caixas (térmicas) de paredes rígidas, que mantenham a temperatura adequada de refrigeração (4°C a 8°C) até a chegada ao Lacen no prazo máximo de 48 horas.

Figura 2. Técnica para a Coleta de Swab de Nasofaringe.



Fonte: Brasil,2016.

3.5. Procedimento de cadastro da amostra no Sistema GAL para realização de RT-PCR para covid-19

A amostra deve ser cadastrada no Gerenciador do Ambiente Laboratorial (GAL), conforme rotina de cadastro de RT-PCR para covid-19.

- Finalidade: Investigação
- Descrição: Covid-19
- Agravo/Doença: Covid-19
- Data 1º Sintomas: data do início dos sintomas
- Nova Amostra: Swab Nasofaringe - 1º Amostra
- Nova Pesquisa: Covid-19

CONCLUSÃO

Os resultados do sequenciamento genético do SARS-CoV-2 não alteram a conduta frente ao tratamento e a adoção de medidas não farmacológicas.

Os resultados dos sequenciamentos serão disponibilizados no GAL apenas para os Lacen e Vigilância Epidemiológica.

REFERÊNCIAS

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. NOTA TÉCNICA Nº 213/2021-CGLAB/DAEVS/SVS/MS.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. NOTA TÉCNICA Nº 2/2022-CGLAB/DAEVS/SVS/MS.

Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Vigilância das Doenças Transmissíveis. Guia para a Rede Laboratorial de Vigilância de Influenza no Brasil [recurso eletrônico] / Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde, Departamento de Vigilância das Doenças Transmissíveis. – Brasília: Ministério da Saúde, 2016.

MUNNINK, B. B. O. et al. The next phase of sars-cov-2 surveillance: real-time molecular epidemiology. *Nature medicine*, Nature Publishing Group, v. 27, n. 9, p.1518–1524, 2021.



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO
SECRETARIA DA SAÚDE