

NOTA TÉCNICA

Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 no Ceará

(Rastreamento e monitoramento da circulação de variantes)

Nº 01 / 06/03/2026



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO
SECRETARIA DA SAÚDE

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**
Antônio Silva Lima Neto

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

**Coordenador da Célula de Vigilância e
Prevenção de Doenças transmissíveis e
não transmissíveis**
Carlos Garcia Filho

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

Direção da Biologia Médica
Karene Cavalcante Ferreira

Elaboração
Shirlene Telmos Silva de Lima
Vânia Angélica Feitosa Viana

Revisão
Ana Carolina Barjud Marques Máximo
Camila Freitas Andrade
Karizya Holanda Verissimo Ribeiro
Nicole Silva França
Rosiane Marcelino Lobo Fernandes

Colaboração
Antônio Carlos de Lima Firmino
Francisca Izabella de Freitas Nogueira
Igor Moreira de Almeida
Maria Elisabeth Lisboa de Melo
Lucas Meireles Arruda Loureiro
Vitória Carla Carvalho

APRESENTAÇÃO

A Secretaria da Saúde do Estado do Ceará (SESA), por meio do Laboratório Central de Saúde Pública do Ceará (LACEN/CE), da Secretaria Executiva de Vigilância em Saúde (SEVIG) e da Coordenadoria de Vigilância Epidemiológica e Prevenção em Saúde (COVEP), apresenta uma atualização das informações referentes à vigilância genômica, ao rastreamento e ao monitoramento de variantes do SARS-CoV-2 no estado do Ceará.

As estratégias e medidas atuais recomendadas pelos órgãos internacionais de saúde - OMS e OPAS - estão voltadas à detecção precoce das variantes de SARS-CoV-2 e ao estudo da dispersão do vírus, pontos fundamentais para se conhecer os padrões globais de circulação do SARS-CoV-2, no presente e no passado.

O sequenciamento genômico tem sido uma ferramenta essencial para a geração de dados genéticos, contribuindo para o fortalecimento da resposta laboratorial e para o melhor entendimento dos padrões evolutivos e de dispersão do SARS-CoV-2, além de auxiliar na definição de estratégias terapêuticas e diagnósticas e na avaliação do impacto da vacinação.



INTRODUÇÃO

O Laboratório Central de Saúde Pública do Ceará é a unidade de referência para análises laboratoriais de interesse da vigilância em saúde no estado do Ceará e esteve à frente do diagnóstico molecular da COVID-19 desde o início da pandemia com a realização de (1.071.782) um milhão, setenta e um mil, setecentos e oitenta e dois RT-qPCRs para pesquisa de SARS-CoV-2. O LACEN/CE tem realizado investimentos tecnológicos visando sempre o emprego de novas metodologias de alta complexidade para o monitoramento laboratorial contínuo, diagnóstico e pesquisa de patógenos emergentes e re-emergentes, incluindo a tecnologia de sequenciamento de nova geração.

Embora a Organização Mundial de Saúde (OMS) tenha declarado que a COVID-19 não é mais uma Emergência em Saúde Pública de Importância Internacional (ESPII), é necessário realizar o monitoramento constante do agravo pois o vírus continua circulando em todos os continentes.

O SARS-CoV-2 continua circulando no Brasil e no mundo, sendo considerado um problema de saúde pública contínuo e que precisa de monitoramento constante, uma vez que ainda há o risco do surgimento de novas variantes de preocupação (VOC, *Variant of Concern*), de interesse (VOI, *Variant of Interest*) ou sob monitoramento (VUM, *Variant under Monitoring*), que podem, a qualquer momento, alterar o cenário clínico e epidemiológico da doença. Desta forma, o contínuo monitoramento e a adoção de medidas de prevenção e controle da transmissão do SARS-CoV-2 são de suma importância para a redução da morbimortalidade da doença (MS/2023). Para isso, o sequenciamento genômico continua sendo uma ferramenta essencial para gerar dados genômicos, impulsionando a resposta laboratorial e proporcionando melhor entendimento dos padrões evolutivos e de dispersão do SARS-CoV-2.

O LACEN/CE foi o primeiro laboratório no Brasil a identificar a sublinhagem JN.1 e BA.2.86.1, descendentes da VOI BA.2.86, com dados gerados e liberados no GISAID em 30/11/2023. Essas sublinhagens foram informadas na nota técnica N° 01 (2024) emitida pela Secretaria da Saúde do estado do Ceará. Também foi o primeiro laboratório a identificar, no Brasil, a sublinhagem LP.8.1, descendente da KP.1.1.3, com dados gerados e liberados no GISAID em 28/11/2024 e informados na nota técnica N°10 (2024) da Secretaria de Vigilância do estado do Ceará.

METODOLOGIA

Considerando o contexto de monitoramento oportuno frente ao aumento recente de casos, foram priorizadas as amostras mais recentemente diagnosticadas disponíveis no período. Foram selecionadas 15 amostras coletadas entre os dias 13 e 27 de fevereiro de 2026, correspondentes às semanas epidemiológicas 06 a 08 de 2026. Foram incluídas amostras com valores de CT (*Cycle Threshold*) ≤ 27 , critério indicativo de alta carga viral no paciente, além de outros critérios de elegibilidade, como amostras provenientes de indivíduos que evoluíram a óbito ou que apresentavam quadro clínico grave da doença. Adicionalmente, foi incluído 01 controle negativo no processamento das análises.

A seleção das amostras foi realizada a partir do conjunto disponível no período analisado, buscando contemplar, sempre que possível, a representatividade territorial e epidemiológica. Para isso, foram consideradas amostras provenientes de diferentes municípios, bem como de indivíduos com distintas faixas etárias, sexos e macrorregiões do estado do Ceará.

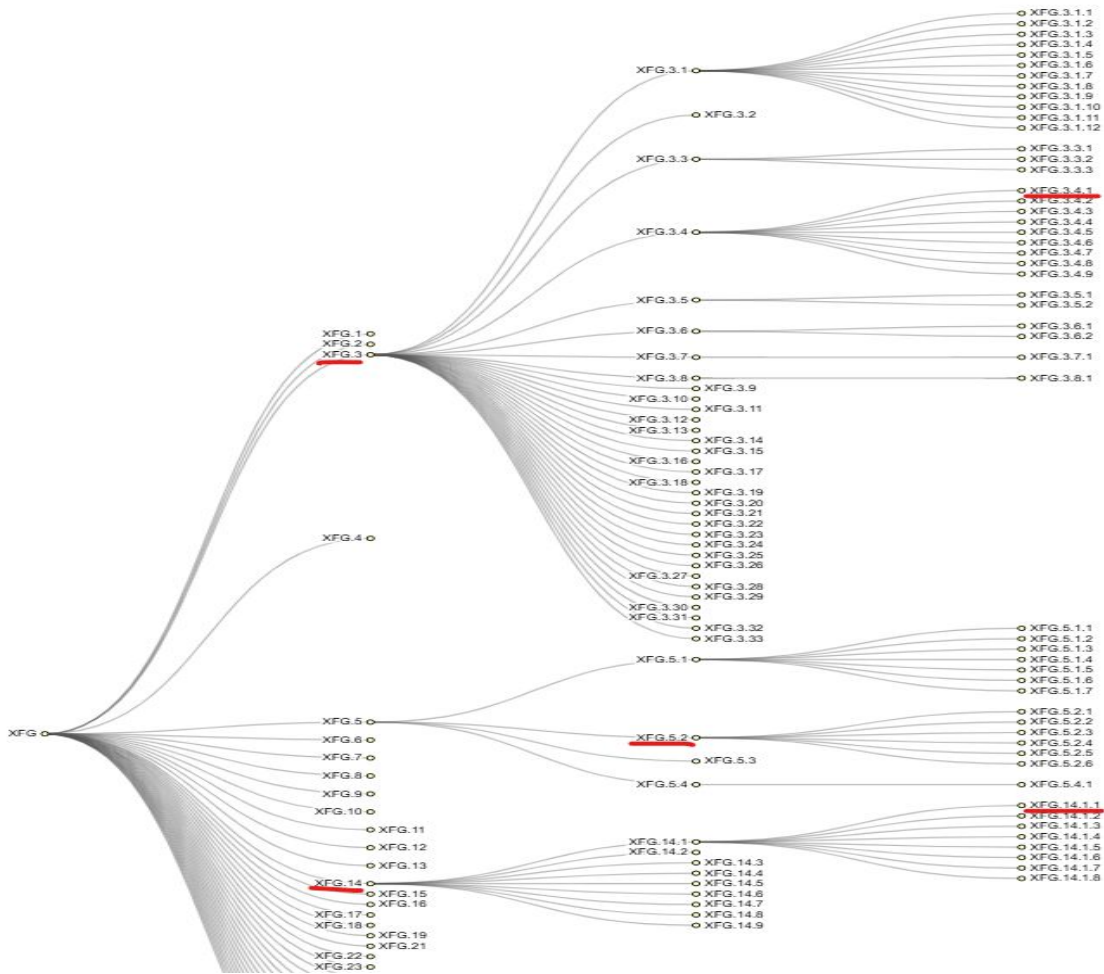
O sequenciamento foi realizado utilizando a tecnologia Illumina no equipamento MiSeq™. As sequências genômicas do SARS-CoV-2 foram montadas utilizando o software ViralFlow, versão 1.2.0 (<https://viralflow.github.io/>, ViralFlow 1.2.0.). A classificação das linhagens foi feita por meio do Nextclade versão 3.19.0 (clades.nextstrain.org).

O objetivo do sequenciamento foi subsidiar a vigilância genômica do SARS-CoV-2 no estado do Ceará, permitindo acompanhar a dispersão das Variantes de Preocupação (VOCs), atualmente representada pela Ômicron, bem como monitorar a ocorrência e dispersão de sublinhagens de interesse. Esses dados contribuem para o entendimento da dinâmica viral e para a tomada de decisões em saúde pública.

RESULTADOS

A sublinhagem XFG, incluída pela OMS em 25 de junho de 2025 na lista de Variantes sob Monitoramento (VUM), originou sublinhagens recombinantes que foram identificadas neste sequenciamento realizado pelo LACEN/CE (Figura 1).

Figura 1: Representação esquemática das linhagens recombinantes de SARS-CoV-2, com destaque para as identificadas no sequenciamento desta nota técnica.



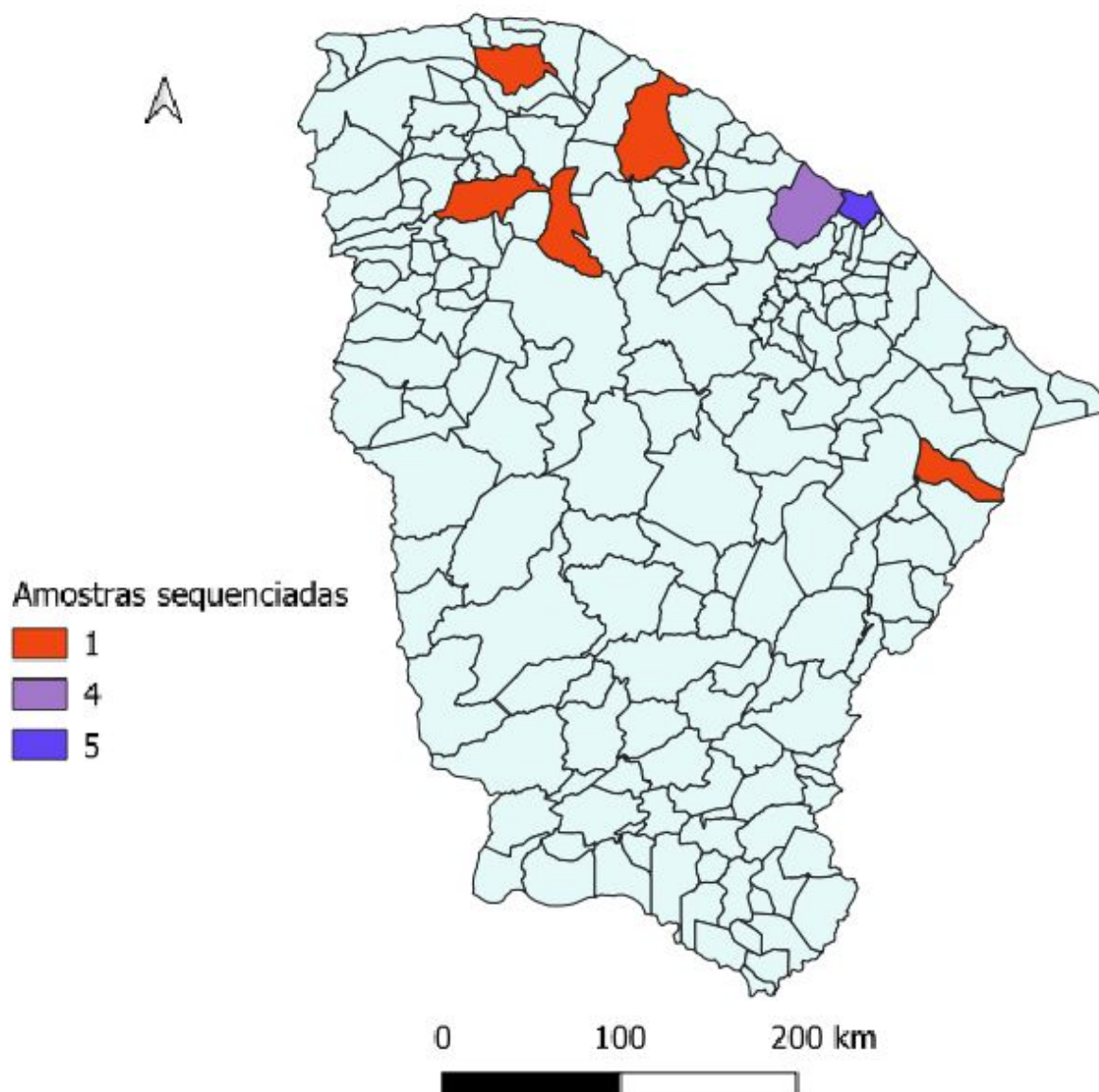
Fonte: CoV-Lineages. Lineage Tree. <https://cov-lineages.org/resources.html>.
<https://observablehq.com/embed/6475ff63fc3ebfb3> <Acesso em 05/03/2026>

Além das sublinhagens recombinantes da XFG apresentadas na representação da figura 1, outras sublinhagens identificadas no sequenciamento, como QF.2, QF.2.1 e QY.3, não são recombinantes e, portanto, não estão representadas acima. Essas linhagens surgiram por evolução independente dentro de seus grupos filogenéticos e, embora não sejam classificadas como Variantes de Preocupação ou de Interesse, sua detecção evidencia a diversidade genética do vírus e reforça a importância da vigilância genômica contínua.

RESULTADOS

Das 15 amostras elegíveis para o sequenciamento, 13 apresentaram cobertura superior a 90,2% do genoma total, onde 33,3% (5/13) foram coletadas no município de Fortaleza. Os outros municípios com amostras sequenciadas foram Caucaia (04), Bela Cruz (01), Itapipoca (01), Limoeiro do Norte (01) e Sobral (01) (Figura 2).

Figura 2: Distribuição dos municípios de residência dos pacientes cujas amostras foram sequenciadas para SARS-CoV-2. SEQ03_26. SE 06 a 08 de 2026.



RESULTADOS

Entre as amostras sequenciadas, 69,2% corresponderam a indivíduos do sexo masculino. Em relação à distribuição etária, a faixa de 61 a 80 anos concentrou a maior proporção de amostras analisadas (Tabela 1).

Tabela 1: Distribuição por sexo e faixa etária dos pacientes cujas amostras foram sequenciadas para SARS-CoV-2. SEQ03_26. SE 06 a 08 de 2026.

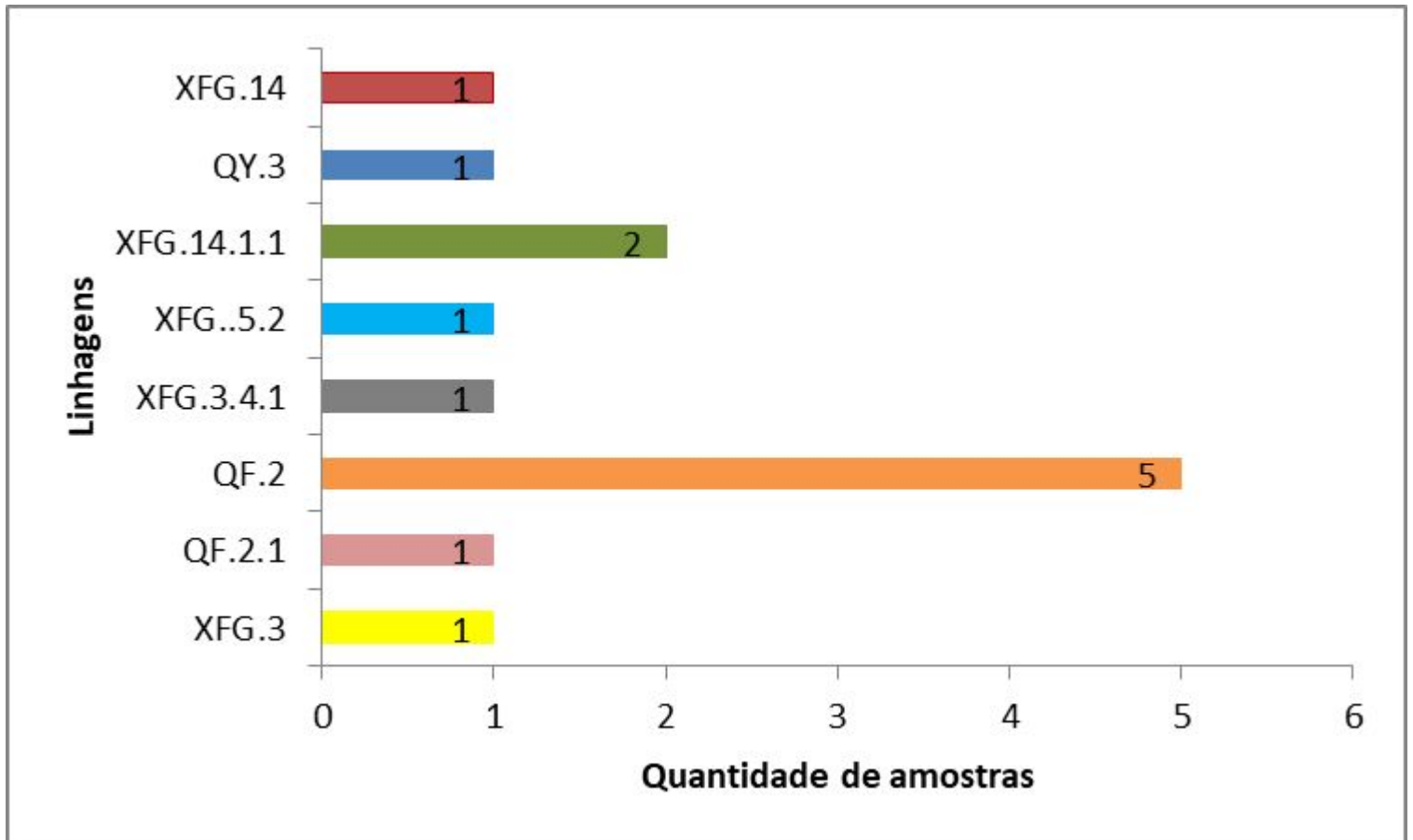
Variável	N	%
Sexo		
Masculino	09	69,2
Feminino	04	30,8
Faixa Etária (anos)		
0 - 10	04	30,8
11 – 20	0	0,0
21 – 40	04	30,8
41 – 60	0	0,0
61 – 80	05	38,4
>80	0	0,0
Total	13	100

Fonte: LACEN/CE. Dados atualizados em 05/03/2026.

RESULTADOS

A sublinhagem QF.2 foi identificada em 5 das 13 amostras sequenciadas, conforme ilustrado na Figura 3.

Figura 3: Distribuição das linhagens de SARS-CoV-2 identificadas no sequenciamento genômico realizado no Ceará. SEQ03_26. SE 06 a 08 de 2026.



Fonte: LACEN/CE. Dados atualizados em 05/03/2026.

CONCLUSÃO

O LACEN-CE desempenha papel estratégico na vigilância genômica de agravos de relevância para a saúde pública no estado do Ceará. A caracterização do perfil genômico do SARS-CoV-2 e das sublinhagens em circulação permite compreender a dinâmica evolutiva do vírus, bem como subsidiar o planejamento e a implementação de políticas públicas de saúde baseadas em evidências científicas.

No sequenciamento realizado pelo LACEN-CE, referente às semanas epidemiológicas 06 a 08 de 2026, foram identificadas as sublinhagens XFG.3, XFG.3.4.1, XFG.5.2, XFG.14, XFG.14.1.1, e tendo como novos achados descendentes da XFG.3.4.1 que acumulam mutações, denominadas de QF.2, QF.2.1 e QY.3, previamente descritas no Brasil, como em São Paulo, Alagoas e Pernambuco. Essas sublinhagens ainda não são consideradas variantes de preocupação (VOC, Variant of Concern), de interesse (VOI, Variant of Interest) ou sob monitoramento (Variant under Monitoring) e sua identificação contribui para o acompanhamento da diversidade genética viral e para a detecção de possíveis alterações no padrão de circulação do vírus no território estadual.

Todos os genomas obtidos estão sendo depositados na plataforma GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data), base internacional utilizada para o compartilhamento de dados genômicos, fortalecendo o monitoramento global e nacional da evolução do vírus, e ampliando a colaboração entre instituições de vigilância e pesquisa.

Adicionalmente, o Ministério da Saúde recomenda a priorização do diagnóstico laboratorial por RT-qPCR para detecção do SARSCoV-2, possibilitando a identificação de amostras positivas elegíveis para análise genômica. Essa estratégia contribui para o fortalecimento e a consolidação da rede nacional de vigilância genômica, permitindo o monitoramento contínuo da circulação viral e a identificação precoce de novas linhagens.

RECOMENDAÇÕES

Constata-se que as variantes do SARS-CoV-2 continuam em circulação no estado do Ceará, reforçando a necessidade de ações de prevenção, controle e vigilância. Recomenda-se a adoção das seguintes medidas, especialmente em áreas e ambientes de maior risco de transmissão:

- Minimização dos riscos através da utilização de máscaras de proteção por sintomáticos respiratórios, manter ventilação adequada de ambientes fechados, enfatizar a etiqueta respiratória e a higienização das mãos.
- Busca ativa para atualização do calendário vacinal, considerando faixas etárias e grupos de maior risco.
- Testagem contínua por RT-qPCR, independente da utilização de testes imunocromatográficos por possibilitar a realização da Vigilância Genômica no estado do Ceará.

A vigilância genômica é essencial para acompanhar o padrão de circulação de VOCs, VOIs e VUMs, compreender a dispersão das linhagens e detectar a introdução de novas sublinhagens no estado.

Em parceria com a Secretaria de Saúde do Ceará, o LACEN/CE realiza a vigilância genômica investigando os casos suspeitos e realizando busca ativa sobre a dispersão e circulação do SARS-CoV-2 no estado do Ceará por meio de sequenciamento genômico.

REFERÊNCIAS

AVICZHL2, X. Z. . JD.1.1+S:Y248H(8 seqs, 8 countries, first sample from traveller from Ethiopia). 2023. Disponível em:

<<https://github.com/sars-cov-2-variants/lineage-proposals/issues/864>>.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente. Departamento do Programa Nacional de Imunizações. Coordenação-Geral de Vigilância das Doenças Imunopreveníveis. NOTA TÉCNICA CONJUNTA N° 24/2024-CGVDI/DPNI/SVSA/MS.

CoV-Linhages. Lineage Tree. <<https://cov-lineages.org/resources/pangolin.html>> , <<https://cov-lineages.org/resources.html>> , <https://observablehq.com/embed/6475ff63fc3ebfb3> . Acesso em 13/09/2024.

CovSPECTRUM <<https://cov-spectrum.org/explore/Brazil/AllSamples/Past6M>> Acesso em 08/10/2025.

OUTBREAK. INFO. Acessado < <https://outbreak.info/>> em 11/04/2024.

RAMBAUT, A. et al. A dynamic nomenclature proposal for sars-cov-2 lineages to assist genomic epidemiology. Nature microbiology, Nature Publishing Group, v. 5, n. 11, p. 1403–1407, 2020.

ROEMER, C.-L. C. Designate JD.1.1.1 (XBB.1.5.102.1.1.1, S:Y248H) with 6 seqs. 2023. Disponível em > <<https://github.com/cov-lineages/pangodesignation/commit/1c2e370a4d265264a714efbebabc8360b9bb5c61>>.

WHO. Statement on the update of WHO’s working definitions and tracking system for SARS-CoV-2 variants of concern and variants of interest. 2023. [Acessado em: 13 de abril de 2023]. Disponível em:<<https://www.who.int/news/item/16-03-2023-statement-on-the-update-of-who-s-working-definitions-and-tracking-system-for-sars-cov-2-variants-of-concern-and-variants-of-interest>>



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO
SECRETARIA DA SAÚDE