

NOTA TÉCNICA

Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 no Ceará

(Rastreamento e monitoramento da circulação de variantes)

Nº 02 15/04/2026



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**
Antonio 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 de Biologia Médica
Karene Ferreira Cavalcante

Elaboração
Shirlene Telmos Silva de Lima
Vânia Angélica Feitosa Viana

Revisão
Ana Carolina Barjud Marques Máximo
Camila Freitas Andrade
Karene Ferreira Cavalcante
Karizya Holanda Verissimo Ribeiro
Nicole Silva França
Ricristhi Gonçalves de Aguiar Gomes
Suyanne Tavares de Menezes

Colaboração
Antônio Carlos de Lima Firmino
Igor Moreira Almeida
Maria Elisabeth Lisboa de Melo
Alexana Amaral de Oliveira

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, rastreamento e 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 genético tem sido uma ferramenta essencial para gerar dados genômicos, impulsionar a resposta laboratorial e proporcionar melhor entendimento dos padrões evolutivos e de dispersão do SARS-CoV-2, além de direcionar medidas terapêuticas, diagnósticas ou ainda contribuir no entendimento 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 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 tem se espalhado e mudado globalmente e 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 epidemiológico da doença. Desta forma, o contínuo monitoramento e a adoção de medidas de prevenção e controle para o controle da transmissão do SARS-CoV-2 são de suma importância para a redução da morbimortalidade da doença (MS/2023). Para isso, o sequenciamento genético 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, repositório mundial de sequências genômicas do vírus SARS-CoV-2, em 30/11/2023. Essas sublinhagens foram informadas na nota técnica Nº 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 Nº10 (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 47 amostras coletadas entre os dias 05 e 27 de março de 2026, correspondentes às semanas epidemiológicas 09 a 12 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, sexo e regiões do estado do Ceará.

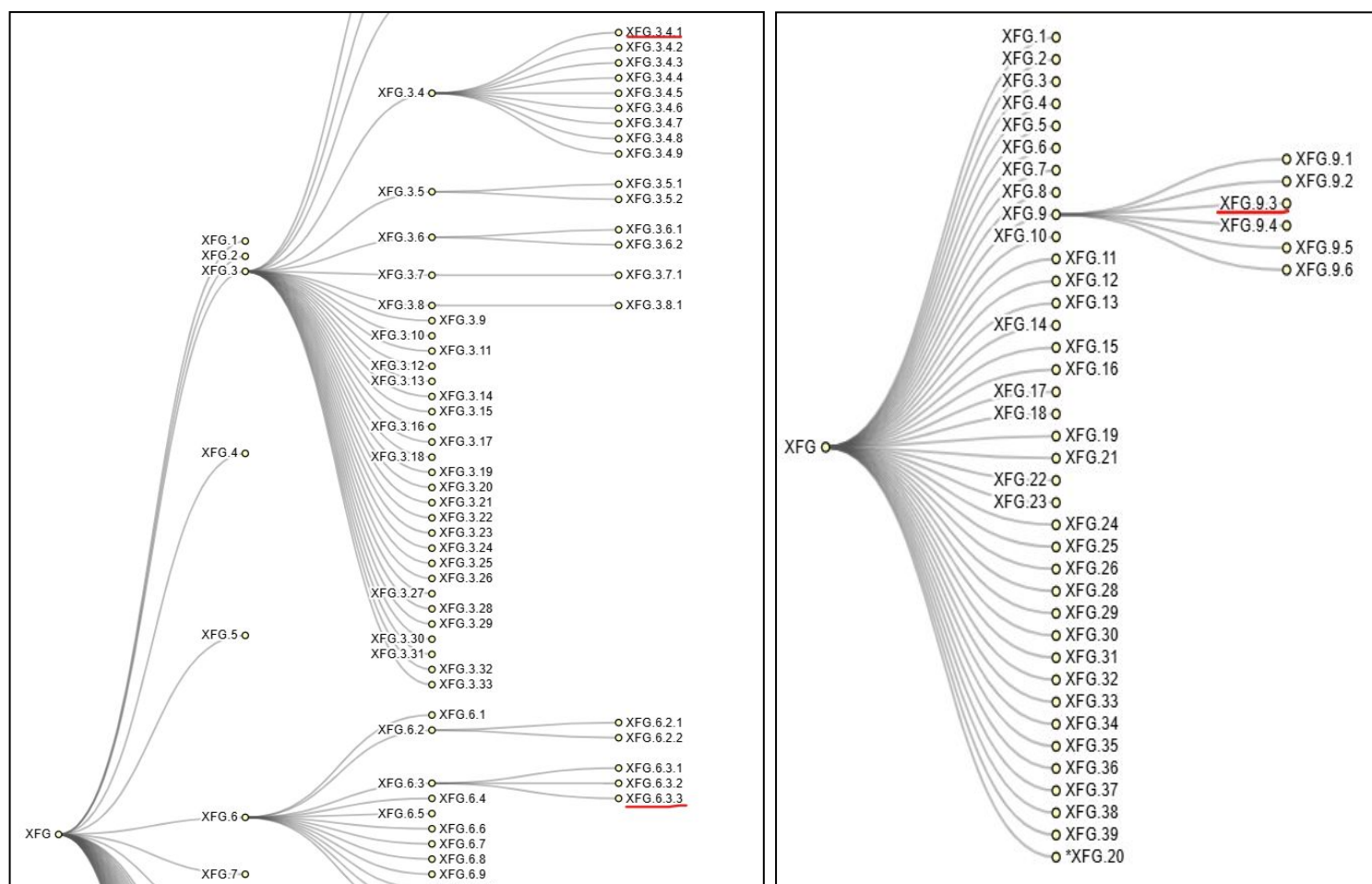
O sequenciamento foi realizado utilizando a tecnologia Illumina no equipamento MiSeq™. As sequências genômicas do SARS-CoV-2 foram montadas utilizando o software ViralFlow, versão 1.2.0 (<https://viralflow.github.io/>, ViralFlow 1.2.0.). A classificação das linhagens foi feita por meio do Nextclade versão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

RESULTADO

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 da origem das linhagens, em destaque as linhagens identificadas nesta nota técnica.



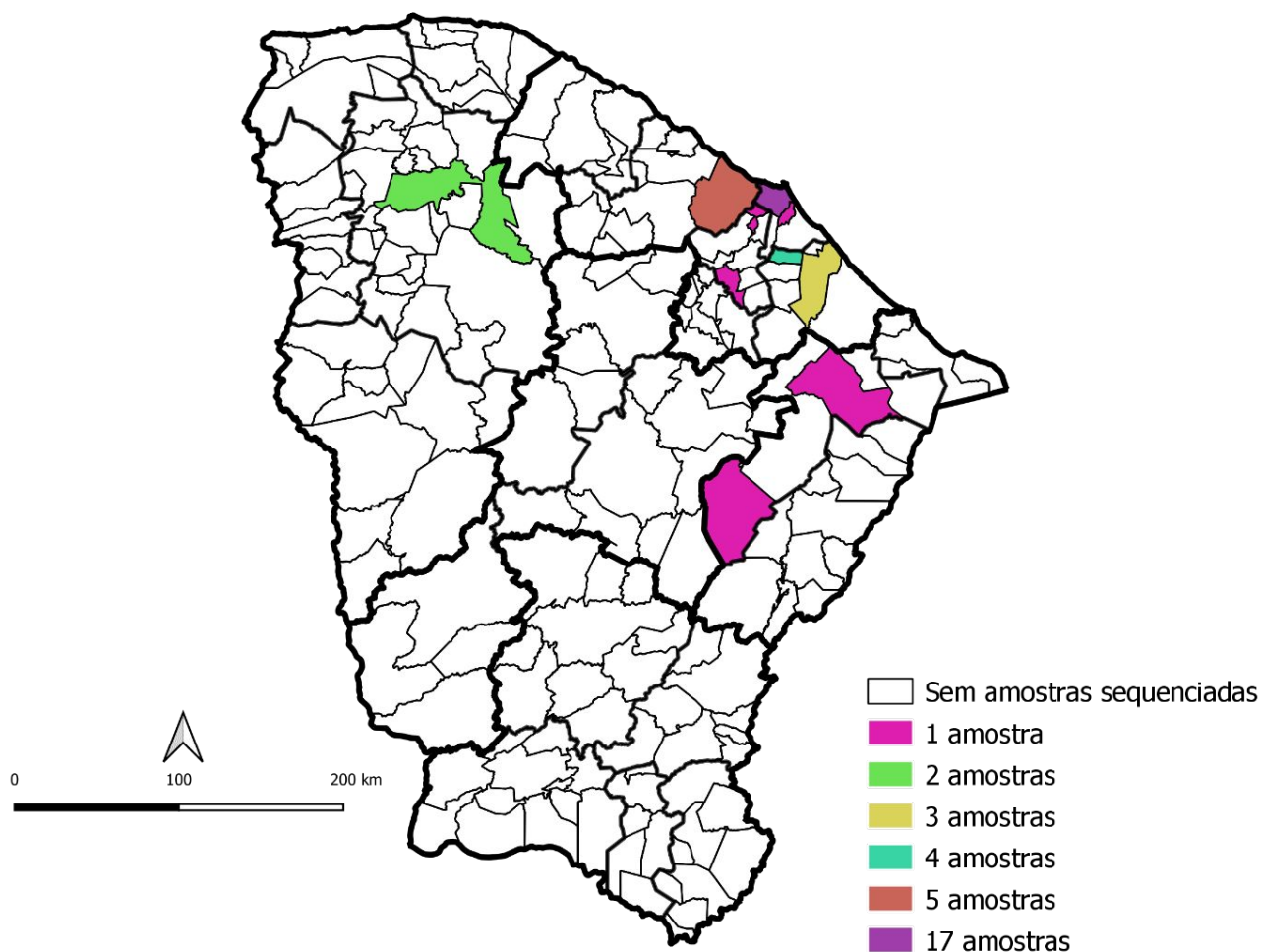
Fonte: CoV-Lineages. Lineage Tree. <https://cov-lineages.org/resources.html> .
<https://observablehq.com/embed/6475ff63fc3ebfb3> <Acesso em 08/04/2026>

Além das sublinhagens recombinantes da XFG apresentadas na representação da figura 1, outras sublinhagens identificadas no sequenciamento, como QF.2, QF.2.1, QK.2, QT.2, QY.2 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 47 amostras elegíveis para o sequenciamento, 36 apresentaram cobertura superior a 90,3% do genoma total, onde 47,23% (17/36) foram coletadas no município de Fortaleza (Figura 2). Os outros municípios com amostras sequenciadas foram Cascavel (03), Caucaia (05), Eusébio (01), Horizonte (04), Jaguaratama (01), Maracanaú (01), Redenção (01), Russas (01) e Sobral (02).

Figura 2: Distribuição das amostras sequenciadas para SARS-CoV-2, por município de residência, Ceará. SEQ05_26. SE 09 a 12 de 2026.



Fonte: LACEN-CE. Dados atualizados em 08/04/2026

RESULTADOS

Entre as amostras sequenciadas, 58,34% 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).

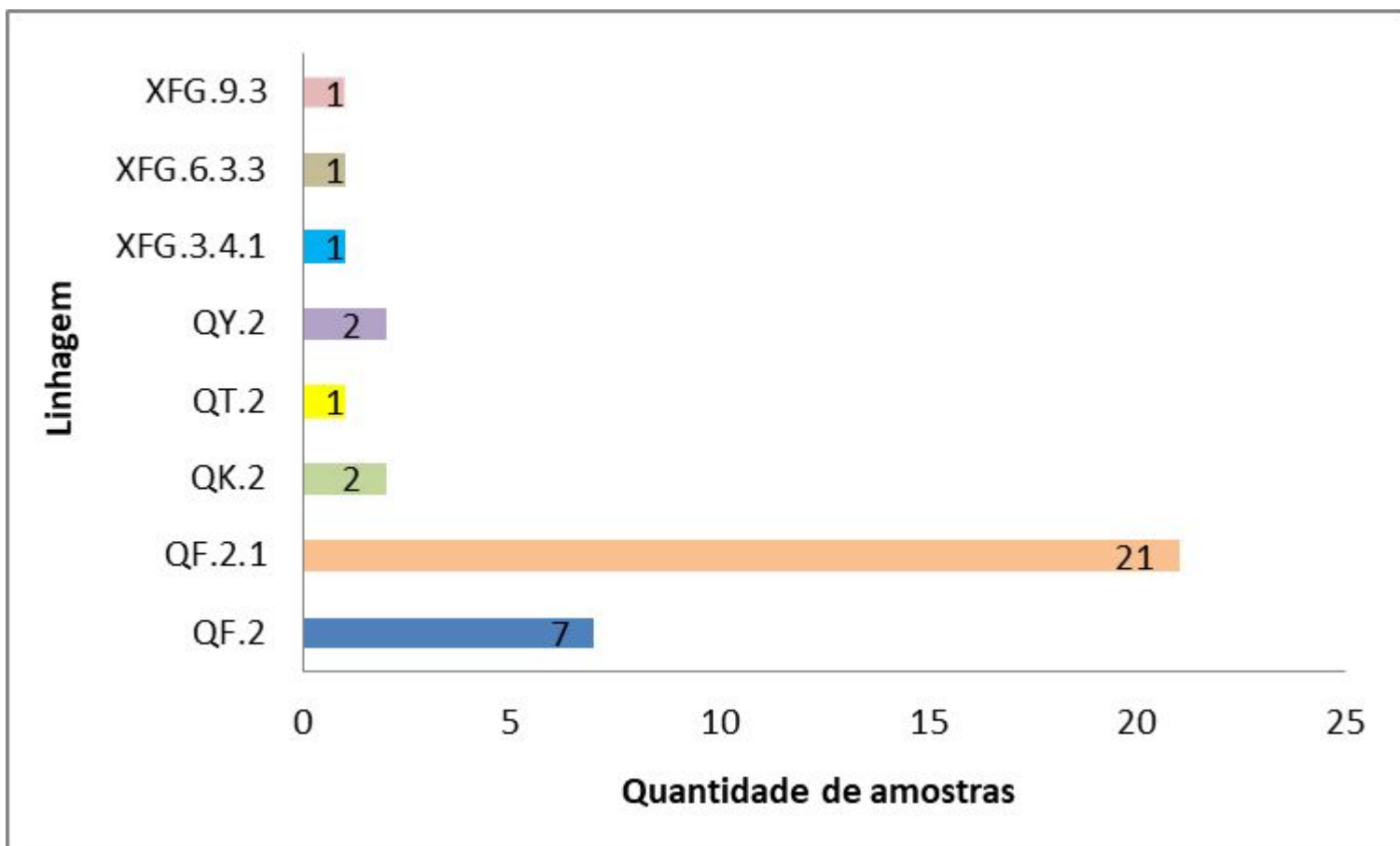
Tabela 1: Distribuição por sexo e faixa etária dos pacientes cujas amostras foram sequenciadas para SARS-CoV-2. SEQ05_26. SE 09 a 12 de 2026.

Variável	N	%
Sexo		
Masculino	21	58,34
Feminino	15	41,66
Faixa Etária (anos)		
0 - 10	4	11,1
11 - 20	1	2,8
21 - 40	9	25
41 - 60	9	25
61 - 80	10	27,7
>80	3	8,4

RESULTADOS

A sublinhagem QF.2.1 foi identificada em 58,3% (21/36) das amostras sequenciadas, conforme ilustrado na Figura 3.

Figura 3: Distribuição das linhagens de SARS-CoV-2 identificadas no sequenciamento genômico realizado no Ceará. SEQ05_26. SE 09 a 12 de 2026.



LACEN-CE. Dados atualizados em 08/04/2026.

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 09 a 12 de 2026, foram identificadas as sublinhagens XFG.3.4.1, XFG.6.3.3, XFG.9.3, e tendo como novos achados descendentes da XFG.3.4.1 que acumulam mutações, denominadas de QF.2, QF.2.1, QK.2, QT.2 e QY.2. Tendo destaque para a descendente **QF.2.1** a qual representou 58,3% nesse sequenciamento. Algumas dessas linhagens, como a QF.2 e QF.2.1 já foram previamente descritas no Brasil, como em São Paulo, Alagoas e Pernambuco. Outras linhagens, como QK.2, QT.2 e QY.2, ainda não haviam sido identificadas no Brasil, sendo estas as primeiras detecções no país, registradas nas amostras coletadas no Ceará. 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 vírus SARS-CoV-2 estão em circulação no estado do Ceará, motivo pelo qual são necessárias ações de prevenção e controle. Deste modo, sugere-se que as medidas abaixo sejam adotadas, principalmente nas áreas e ambientes de maior risco para a transmissão do agravo.

- A testagem é especialmente importante para elegibilidade ao tratamento com nirmatrelvir/ritonavir, disponível no SUS para pessoas **≥65 anos ou imunocomprometidas, até cinco dias do início dos sintomas.**
- Monitoramento contínuo do SARS-CoV-2, por meio da testagem em sintomáticos por RT-qPCR, independente da utilização de testes imunocromatográficos por possibilitar a realização da Vigilância Genômica no estado do Ceará.
- Deve-se intensificar a busca ativa para atualização do calendário vacinal, priorizando grupos de risco e mais vulneráveis.
- Recomenda-se o uso de máscaras PFF2/N95 por: profissionais de saúde, em cuidado de pessoas com sintomas respiratórios; imunossuprimidos, especialmente em locais fechados ou com aglomeração. Destaca-se a importância da ventilação adequada, etiqueta respiratória e higienização das mãos.

A vigilância genômica é um instrumento imprescindível para o monitoramento do padrão de circulação das VOCs, VOIs e VUMs do SARS-CoV-2, o entendimento da sua dispersão no passado, bem como detecção da introdução de novas sublinhagens no estado do Ceará.

Em parceria com a SESA-CE, 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 genético.

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 Nº 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 07/04/2026.

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

OUTBREAK. INFO. Acessado < <https://outbreak.info/>> em 07/04/2026.

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