

NOTA TÉCNICA

# Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 no Ceará

(Rastreamento e monitoramento da circulação de variantes  
de preocupação)

Nº 04 | 10/06/2024



**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

Antônio Silva Lima Neto

## Coordenadora de Vigilância Epidemiológica e Prevenção em Saúde

Ana Maria Peixoto Cabral Maia

## Diretor do Laboratório Central de Saúde Pública (LACEN/CE)

Ítalo José Mesquita Cavalcante

### Elaboração

Shirlene Telmos Silva de Lima

### Revisão

Ana Carolina Barjud Marques Máximo

Karene Ferreira Cavalcante

Vânia Angélica Feitosa Viana

### Colaboração

Antônio Carlos de Lima Firmino

Marisa Perdigão de Negreiros Vianna

Roseane Marcelino Lobo

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 de preocupação 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 mais de 1 milhão e 25,7 mil testes de RT-qPCR para pesquisa de SARS-CoV-2. O LACEN-CE tem realizado investimentos tecnológicos visando sempre o emprego de novas metodologias de alta complexidade para diagnóstico laboratorial e pesquisa de patógenos emergentes e re-emergentes, incluindo a tecnologia de sequenciamento de nova geração.

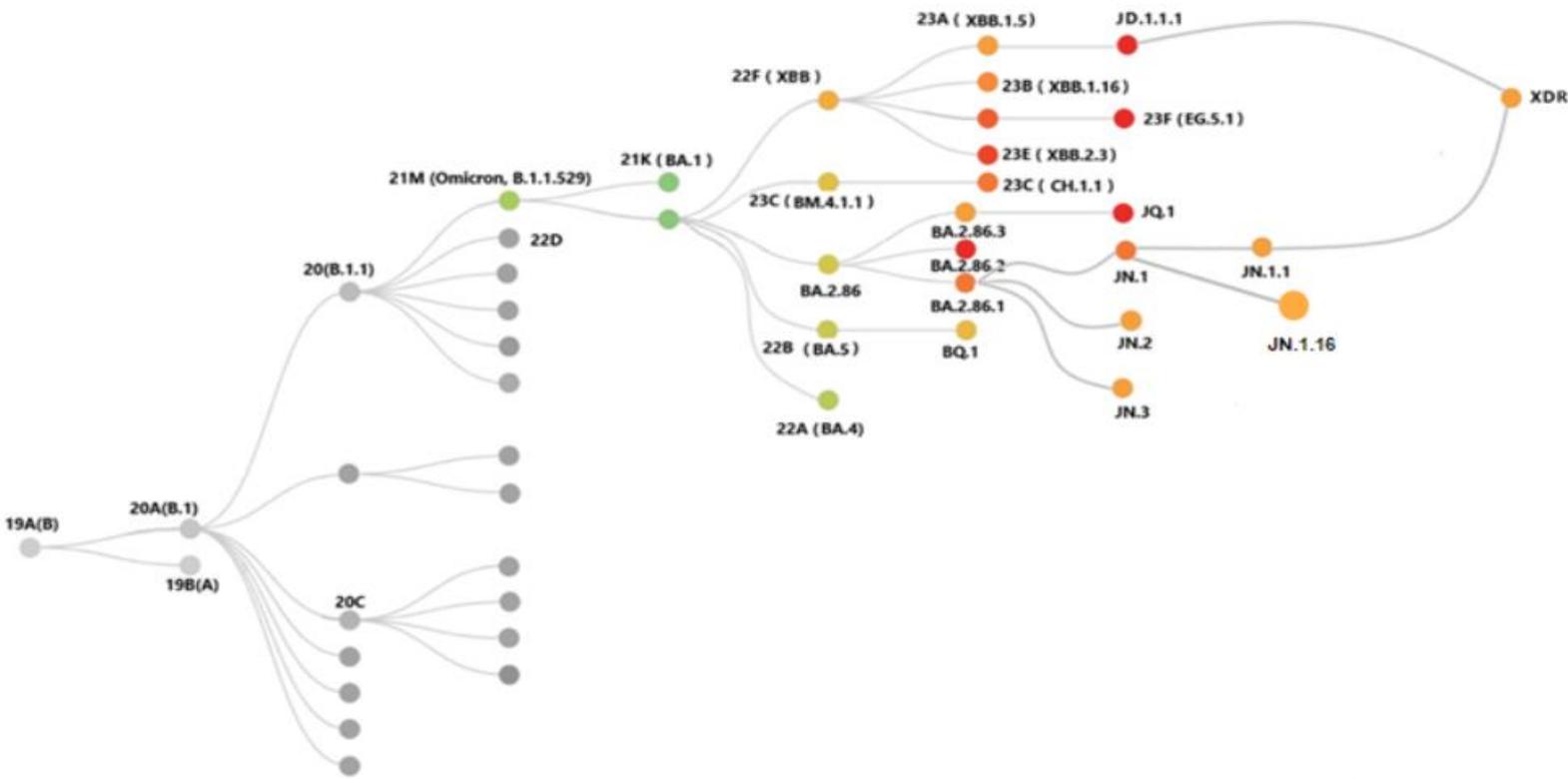
Embora a Organização Mundial de Saúde (OMS) tenha declarado que a Covid-19 não é mais uma Emergência em Saúde Pública de Importância Internacional (ESPII), é necessário realizar o monitoramento constante do agravo pois o vírus continua circulando em todos os continentes.

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*) (Figura 1), 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, através do sequenciamento genético, com dados gerados e liberados no GISAID em 30/11/2023. O primeiro sequenciamento da linhagem recombinante XDR no mundo foi identificado em amostra coletada na semana epidemiológica (SE) 45 de 2023, no Estado do Ceará, que inicialmente foi classificada como linhagem BA.2.86.1, conforme programa (algoritmo) de classificação Pango Lineage utilizado para análise em novembro de 2023. Essa classificação inicial foi informada na Nota Técnica Nº 01 emitida pela Secretaria da Saúde do Estado do Ceará,

# INTRODUÇÃO

destacando o LACEN/CE como sendo o primeiro laboratório no Brasil a identificar a sublinhagem BA.2.86.1, bem como na NOTA TÉCNICA Nº 83/2023-CGVDI/DPNI/SVSA/MS.



**Figura 1:** Representação esquemática da origem das variantes. Fonte: Coordenação Geral de Laboratórios de Saúde Pública – GCLAB/ SVSA/ MS, 2024. Adaptação.

Para atender às orientações feitas pelos organismos internacionais de saúde e as demandas governamentais, o LACEN-CE vem por meio deste documento apresentar seus resultados mais recentes nesta seara, obtidos de amostras colhidas entre as semanas epidemiológicas de 16 a 21 de 2024.

## AMOSTRAGEM

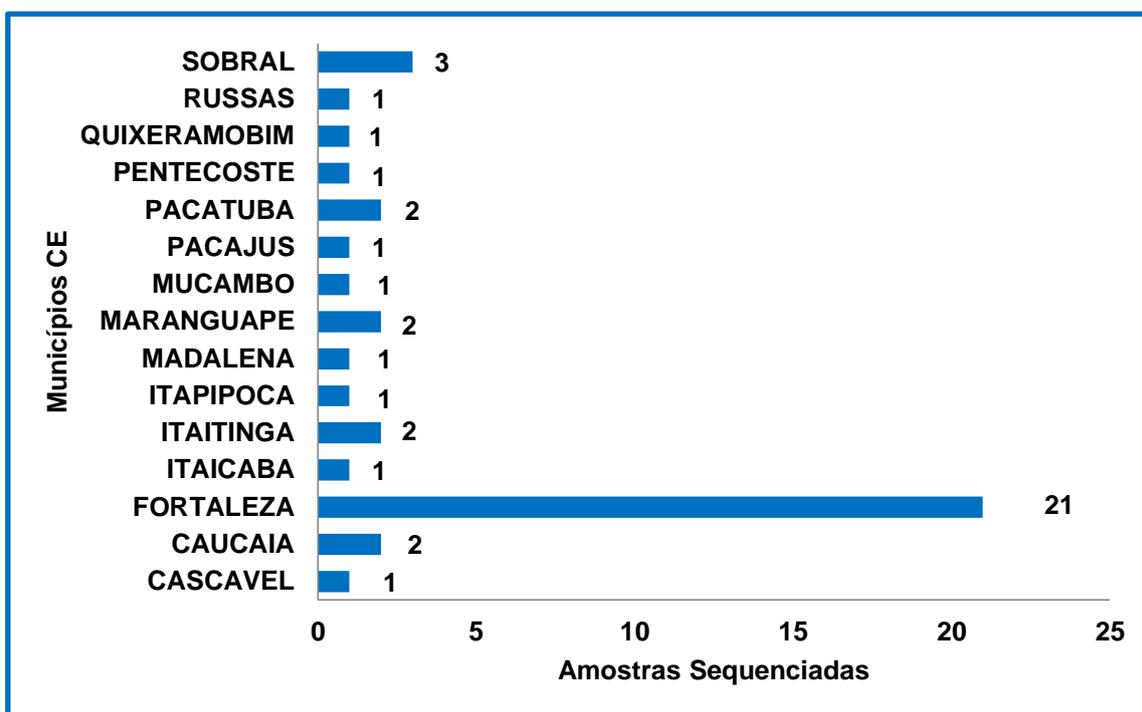
Foram selecionadas e sequenciadas, 44 amostras cuja coletas ocorreram entre os dias 18 de abril a 24 de maio de 2024 , semanas epidemiológicas de 16 a 21 de 2024 com CT (*Cycle Threshold*)  $\leq 27$  (critério essencial que indica alta viremia no paciente) e outros critérios de elegibilidade (como amostras de pessoas que foram a óbito ou que estão com sintomas graves da doença), 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.

O sequenciamento foi feito utilizando a tecnologia Illumina no equipamento MiSeq™, onde 41 dos genomas obtidos possuem cobertura acima de 93%. As sequências genômicas do vírus 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 através do próprio ViralFlow utilizando o Nextclade versão 3.7.1 ([clades.nextstrain.org](https://clades.nextstrain.org)) e com o Pangolin versão 4.3.1.

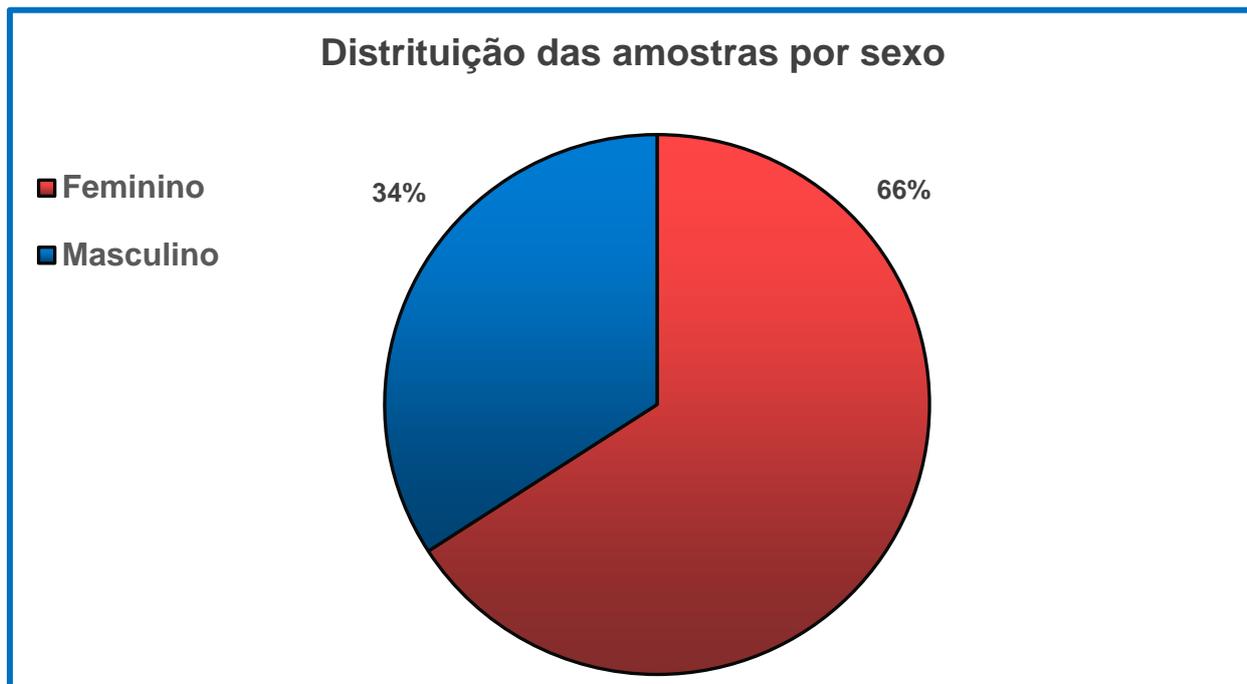
O sequenciamento genético das amostras selecionadas teve como objetivo realizar a vigilância genômica laboratorial, continuar avaliando a dispersão das VOCs no Ceará, especialmente a VOC Ômicron e monitorar, nesse momento, a ocorrência e dispersão de linhagens de interesse. Para tanto, foram selecionadas amostras de diferentes municípios do estado.

## AMOSTRAGEM

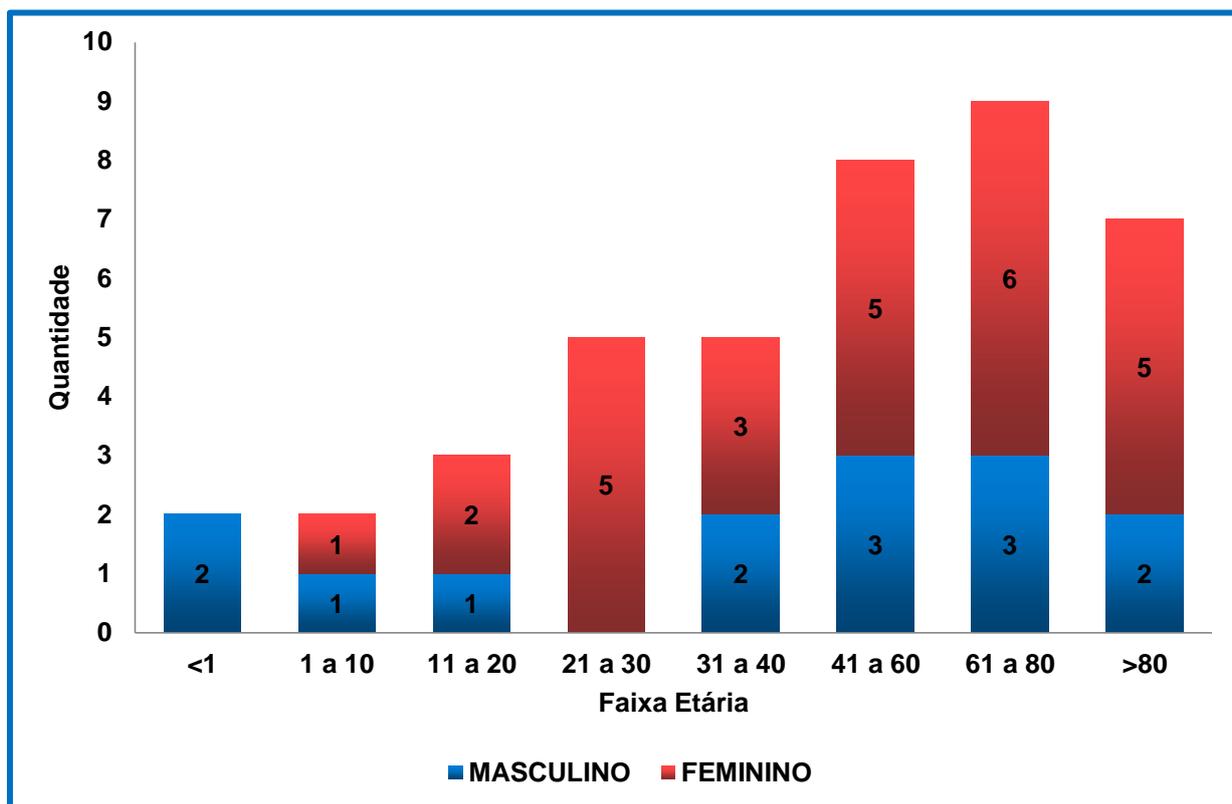
Das amostras com critérios elegíveis para o sequenciamento genético, 51,2% (21/41) foram coletadas no município de Fortaleza (Figura 2), sendo que 65,8% provinham de pacientes do sexo feminino (27/41) (Figura 3). Analisando por faixa etária, a maioria das amostras foram obtidas de pacientes nas faixas entre 41 a 80, sendo a faixa etária de 61 a 80 a que obteve maior quantidade de amostras sequenciadas (Figura 4).



**Figura 2:** Município de residência dos pacientes cujas amostras foram sequenciadas para SARS-CoV-2. SEQ04\_24. SE 16 a 21 de 2024.



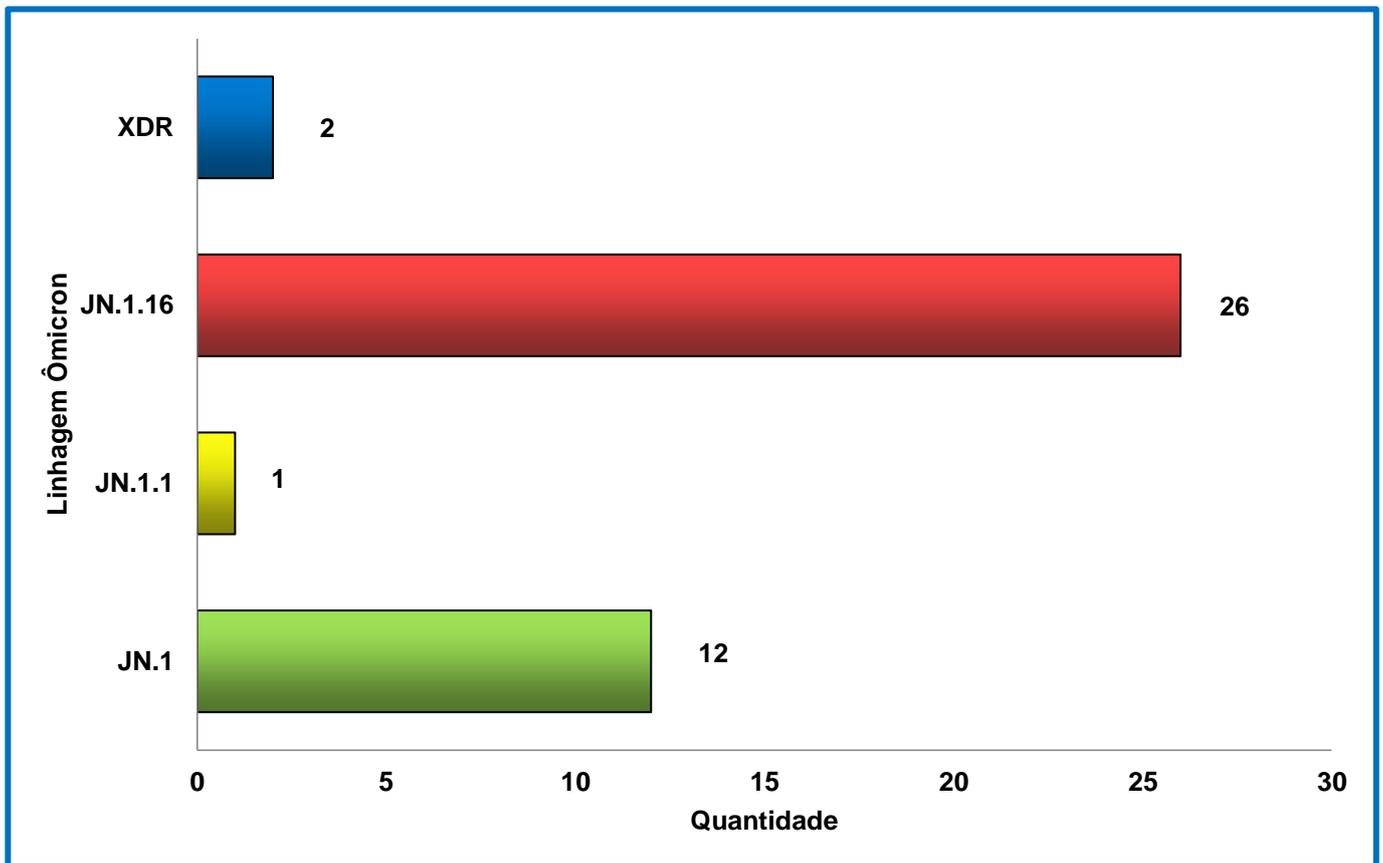
**Figura 3:** Sexo dos pacientes cujas amostras foram sequenciadas. SEQ04\_24. SE 16 a 21 de 2024.



**Figura 4:** Idade dos pacientes cujas amostras foram sequenciadas. SEQ04\_24. SE 16 a 21 de 2024.

# RESULTADOS

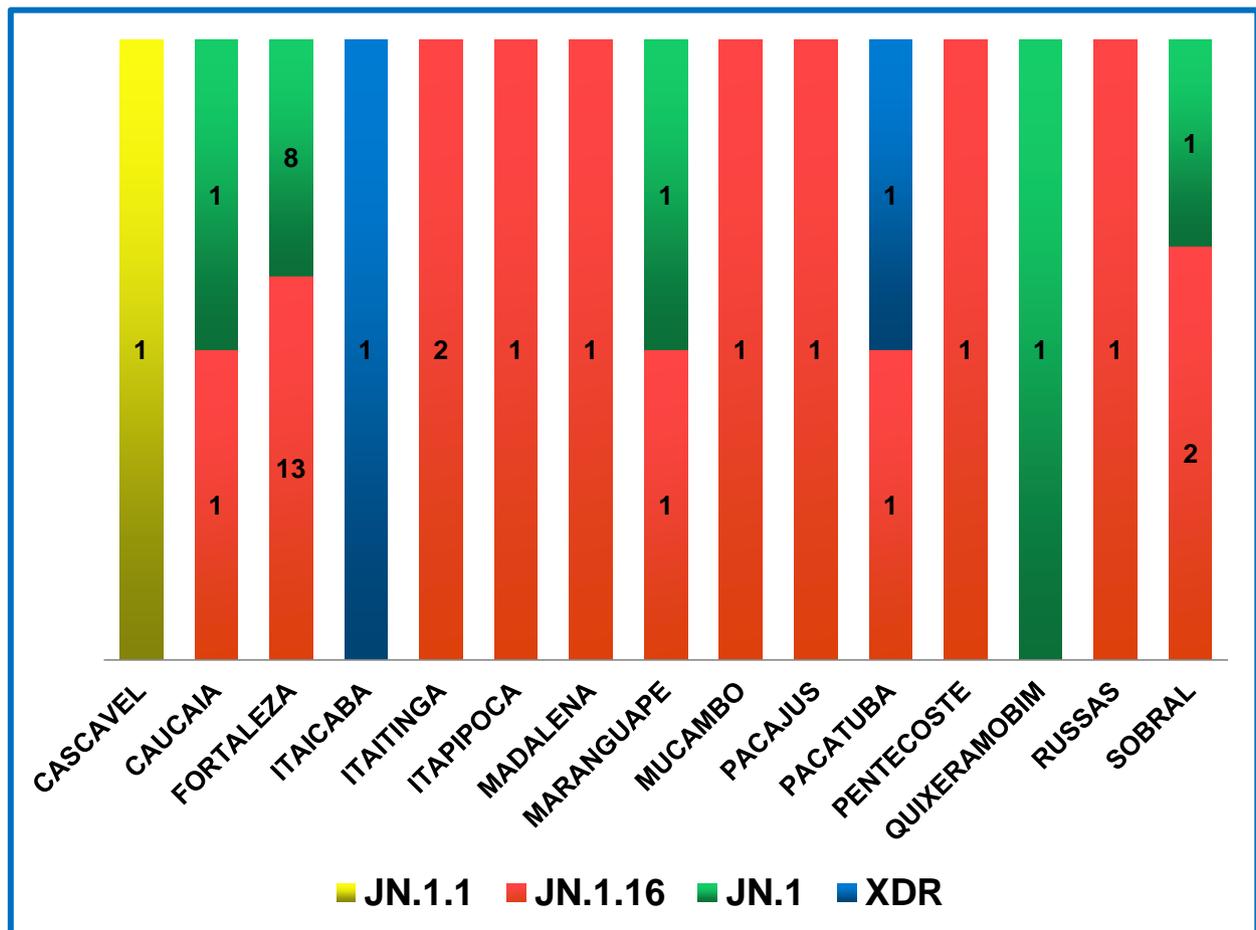
Das 44 amostras elegíveis para o sequenciamento, 41 apresentaram cobertura superior a 93% do genoma total. Das análises realizadas, em comparação com as SE anteriores, a variante Ômicron continua sendo a variante detectada em sua totalidade e a linhagem encontrada em maior quantidade foi a JN.1.16 (26), seguida da linhagem JN.1 (12), linhagem recombinante XDR (2) e JN.1.1 (1) (Figura 5).



**Figura 5:** Linhagens identificadas no sequenciamento SEQ04\_24. SE 16 a 21 de 2024.

# RESULTADOS

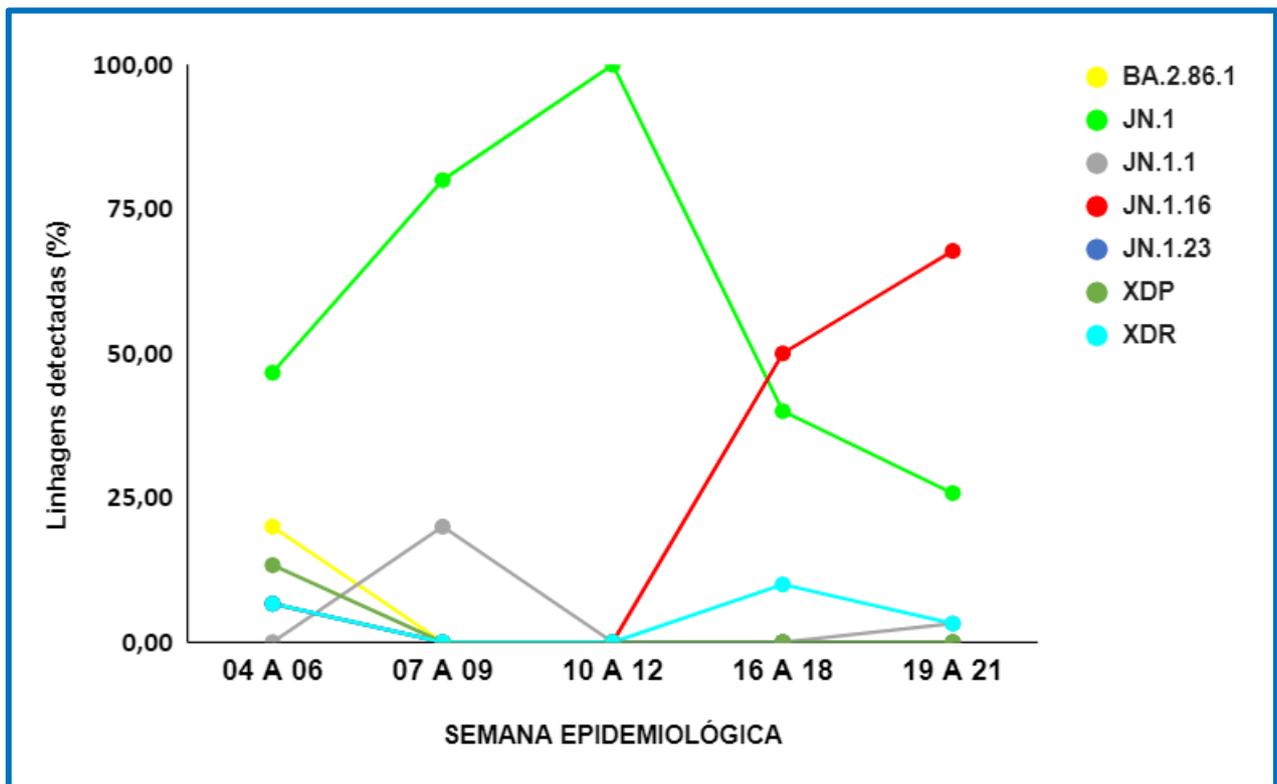
As 41 linhagens sequenciadas distribuídas por município é mostrado na figura abaixo (Figura 6) :



**Figura 6:** Linhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas no LACEN-Ceará distribuídas por municípios. SEQ04\_24. SE 16 a 21 de 2024.

# RESULTADOS

Analisando o comportamento das linhagens que estão circulando no estado, observou-se um aumento importante na circulação da linhagem JN.1.16 desde a semana epidemiológica 16-18, sendo a principal linhagem em circulação no estado (Figura 7).



**Figura 7:** Avaliação da circulação das linhagens do vírus SARS-CoV-2 em circulação no estado do Ceará ao longo das semanas epidemiológicas.

## RESULTADOS

A JN.1, classificada como VOI (*variant of interest*), e suas descendentes continuam sendo a linhagem predominante no estado do Ceará, sendo a JN.1.16 a linhagem mais encontrada entre as 41 amostras sequenciadas e que tiveram cobertura satisfatória no último sequenciamento (26/41).

Das amostras elegíveis para sequenciamento, 3 amostras tiveram origem da Vigilância do Óbito e 8 amostras de pacientes da Vigilância Sentinela (VS) do estado das semanas epidemiológicas estudadas (Tabela 1).

ORIGEM	JN.1.16	JN.1
Vigilância do óbito	3	
Vigilância Sentinela	6	2

Tabela 1: Amostras sequenciadas provenientes do SVO, Vigilância Sentinela e SOPAI, com detecção de SARS-CoV-2, SE de 16 a 21 de 2024.

# CONCLUSÃO

Importante destacar a importância do LACEN-CE na vigilância genômica dos agravos de importância em saúde pública no Estado do Ceará, de modo que a partir do perfil genômico do SARS-CoV-2 e suas linhagens que estão circulando no estado, pode-se planejar com maior efetividade as políticas públicas de saúde.

Nesse sequenciamento realizado pelo LACEN-CE, iniciado em 3 de junho de 2024, referente às semanas epidemiológicas (SE) de 16 a 21 de 2024, foram encontradas no Ceará as linhagens a **JN.1.16** (26), seguida da linhagem **JN.1** (12), linhagem recombinante **XDR** (2) e **JN.1.1** (1) Também foram sequenciadas 3 amostras, de pacientes provenientes da Vigilância do Óbito e Vigilância Sentinela com detecção de JN.1.16 e JN.1.

Destaca-se a predominância das linhagens da VOI JN.1, principalmente da linhagem JN.1.16, que mostrou um aumento na sua circulação, em comparação do sequenciamento. Apesar dessa linhagem não demonstrar uma maior preocupação, até o momento, a nível mundial, é necessário monitoramento e acompanhamento da sua dispersão.

O Ministério da Saúde ressalta que seja priorizado o diagnóstico laboratorial por RT-PCR, a fim de que essas amostras possam ser submetidas à análise genômica, fortalecendo ainda mais a vigilância genômica no país.

# RECOMENDAÇÕES

Constata-se que as variantes do vírus SarsCov-2 ainda estão em circulação no Estado do Ceará, motivo pelo qual são necessárias as medidas de prevenção para controle da circulação do vírus no nosso estado. Deste modo, sugere-se que as medidas abaixo sejam adotadas, principalmente nas áreas e ambientes de maior risco para a transmissão do agravo.

- Minimização dos riscos através da utilização de máscaras de proteção, ventilação de ambientes e higienização das mãos.
- Busca ativa para a conclusão esquema vacinal básico, incluindo a dose de reforço, para todas as idades.
- Mobilização pela continuação do esquema vacinal atualizado com a vacina bivalente.
- Monitoramento contínuo do SARS-CoV2, por meio da testagem por RT-qPCR, independente da utilização de testes imunocromatográficos, pois possibilita a realização da Vigilância Genômica no Estado do Ceará.

A vigilância genômica é um instrumento imprescindível para o monitoramento do padrão de circulação das VOCs, VOIs e VUMs de 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 segue em 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.

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/1c2e370a4d265264a714efbebababc8360b9bb5c61>>.

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