

# Boletim Informativo

**Resultados parciais referente ao sequenciamento  
de nova geração das amostras de SARS-CoV-2 positivas  
realizado no Laboratório Central de Saúde Pública  
Profº Gonçalo Moniz – LACEN/BA**



SECRETARIA  
DA SAÚDE

**EDIÇÃO 01 – 12.01.2021**

## ATIVIDADES DESENVOLVIDAS

O Laboratório Central de Saúde Pública Prof<sup>o</sup> Gonçalo Moniz (LACEN/BA), reconhecido como a 3<sup>a</sup> maior unidade de vigilância laboratorial do país e classificado na categoria máxima de qualidade pelo Ministério da Saúde, realiza um conjunto de ações transversais junto com os demais sistemas de vigilância em saúde. Estas ações propiciam conhecimento e investigação diagnóstica de agravos e verificação da qualidade de produtos de interesse para a saúde pública mediante estudo, pesquisa e análises relacionadas aos riscos epidemiológicos, sanitários, ambientais e da saúde do trabalhador. Além disso, o LACEN coordena a Rede Estadual de Laboratórios de Saúde Pública (RELSP) na Bahia e se dedica à busca de novas metodologias de diagnóstico laboratorial aplicadas a pesquisa de patógenos virais emergentes e re-emergentes, incluindo as tecnologias de seqüenciamento de nova geração, formação de recursos humanos, capacitação pessoal e inovação em diagnóstico de patógenos emergentes e re-emergentes.

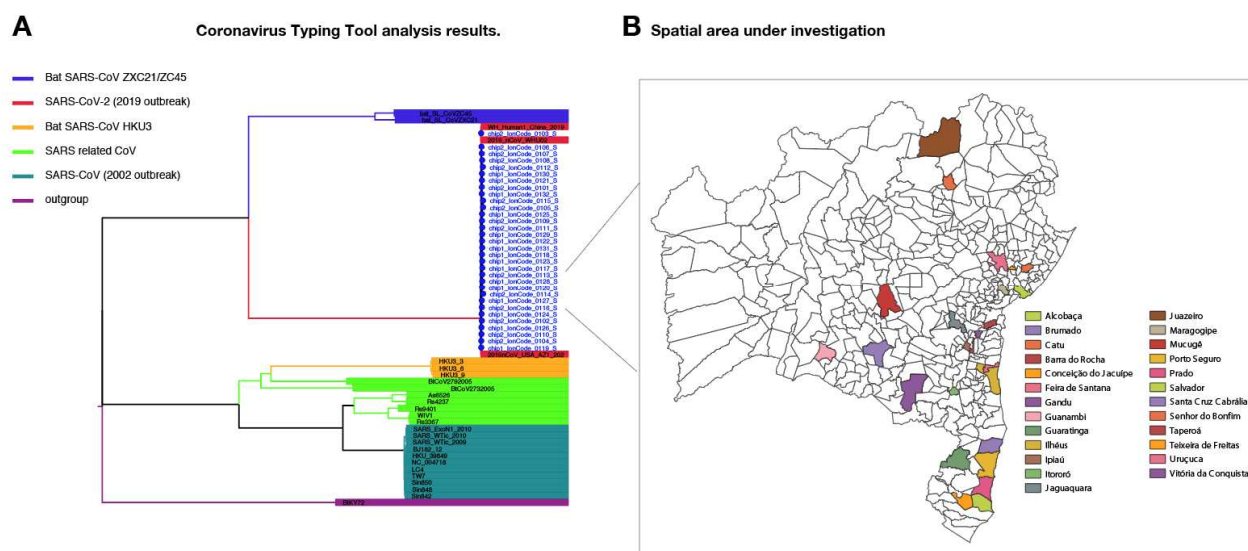
Durante o período de 18 de setembro até o dia 21 de dezembro de 2020, a equipe do LACEN/BA realizou o seqüenciamento de 48 genomas completos do SARS-CoV-2, provenientes de pacientes com sintomas de COVID-19, residentes em 25 diferentes municípios da Bahia: Alcobaca (n=1), Barra do Rocha (n=1), Brumado (n=1), Catu (n=2), Conceição do Jacuípe (n=1), Feira de Santana (n=3), Gandu (n=1), Guanambi (n=1), Guaratinga (n=1), Ilhéus (n=2), Ipiaú (n=2), Itororó (n=2), Jaguaquara (n=1), Juazeiro (n=1), Maragogipe (n=1), Mucugê (n=1), Porto Seguro (n=1), Prado (n=1), Salvador (n=14), Santa Cruz Cabrália (n=1), Senhor do Bonfim (n=1), Taperoá (n=1), Teixeira de Freitas (n=1), Uruçuca (n=4) e Vitória da Conquista (n=1), cujo diagnóstico molecular resultou positivo para o SARS-CoV-2 (**Figura 1 B**). Foi também incluída no seqüenciamento uma amostra encaminhada pela Secretaria Municipal de Saúde de Seabra obtida de um paciente residente no município de São João de Meriti, do estado do Rio de Janeiro.

Os genomas seqüenciados, utilizando a tecnologia desenvolvida pela Thermo Fisher Scientific (Ion GeneStudio S5 Plus), apresentaram em sua grande maioria cobertura superior a 95% do genoma total.

A escolha das amostras para o seqüenciamento é baseada na representatividade de todas as regiões geográficas do estado da Bahia, provenientes de indivíduos com sintomas clínicos característicos, como dificuldade de respirar, muito cansaço, SRAG e/ou pneumonia, casos suspeitos de reinfecção e óbitos.

As amostras selecionadas apresentaram valores de CT (*cycle threshold*) que variaram entre 14.36 e 32.98 (média= 27.081).

As 48 sequências genômicas do vírus SARS-CoV-2 foram analisadas utilizando o software *Genome Detective – Coronavirus Typing Tool*, disponível online (Cleemput et al., 2020). O resultado da análise filogenética preliminar (**Figura 1A**) mostrou que todas as sequências isoladas na Bahia se agruparam formando um clado (em azul) que, como esperado, também incluiu outras sequências (em vermelho) do novo coronavírus SARS-CoV-2 isoladas na China entre final de dezembro de 2019 e janeiro de 2020 (Wu et al., 2020).

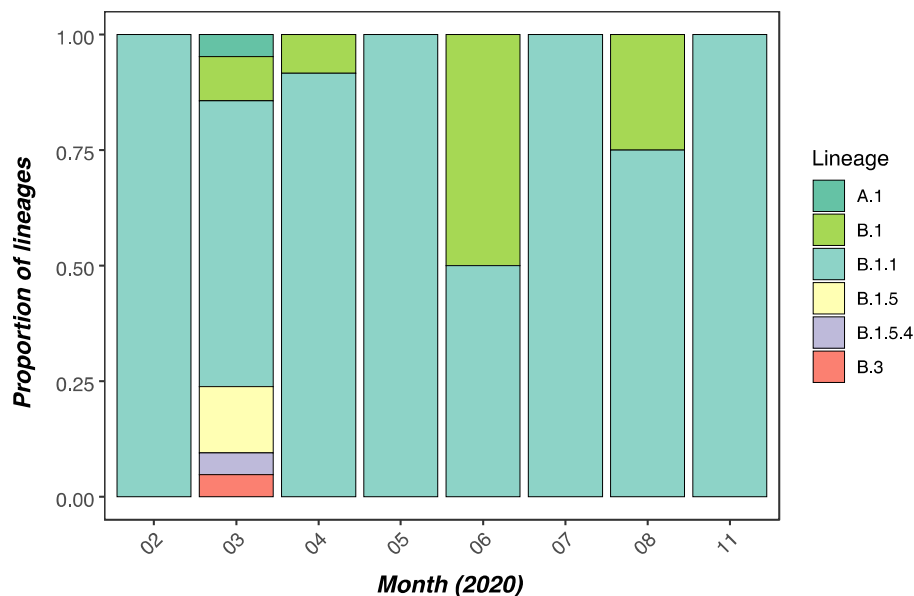


**Figura 1.** Reconstrução filogenética do SARS-CoV-2 no estado da Bahia. A) Filogenia do vírus SARS-CoV-2 reconstruída utilizando sequências genômicas isoladas na Bahia e sequências de referência presentes no banco de dados da ferramenta do Genome Detective-Coronavirus Typing Tool, disponível online (CLEEMPUT et al., 2020); B) Mapa do estado da Bahia, destacando os municípios onde foram obtidas e caracterizadas as novas sequências genômicas do SARS-CoV-2.

A avaliação da linhagem foi realizada utilizando a ferramenta *Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak LINEages* disponível em <https://github.com/hCoV-2019/pangolin>, seguindo a recente classificação dinâmica proposta por Rambaut e colaboradores (Rambaut et al, 2020).

Foi identificada a cocirculação de 6 linhagens diferentes do SARS-CoV-2 no estado da Bahia ao longo do tempo, provavelmente vinculadas a múltiplos eventos de importações concomitantes com um alto número de infecções registradas no estado. Interessantemente, os resultados preliminares sugerem que o número de linhagens circulantes mudou com o tempo (**Figura 2**). A sub-linhagem B.1.1 foi a primeira identificada em fevereiro, marcando a introdução primária de casos importados da Europa (relacionada ao primeiro caso importado do paciente index no estado da Bahia, uma mulher residente no município de Feira de Santana que havia voltado da Itália). Em março, sub-linhagens adicionais foram identificadas no estado, tais como A.1, B.1,

B.1.5, B.1.5.4, e B.3, sendo possivelmente relacionadas a múltiplos eventos de importação que ocorreram nesse período. No início das medidas de restrições implementadas no final de março de 2020, apenas a sub- linhagem B.1.1 e a linhagem B.1. foram detectadas.



**Figura 2.** Frequência e distribuição das linhagens e sub-linhagens do SARS-CoV-2 no estado da Bahia ao longo do tempo.

Apesar dos resultados mostrarem uma relação filogenética próxima entre as sequências isoladas na Bahia, mais esforços de análises de sequenciamento são necessários para geração de novos dados genômicos que permitirão realizar inferências filogenéticas mais detalhadas sobre a dispersão do vírus no estado da Bahia desde o início da pandemia. Além de investigar a introdução de novas linhagens.

## REFERÊNCIAS

CLEEMPUT, S. et al. "Genome Detective Coronavirus Typing Tool for rapid identification and characterization of novel coronavirus genomes." *Bioinformatics*, 2020.

RAMBAUT, A. et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol.* 2020 Nov;5(11):1403-1407. doi: 10.1038/s41564-020-0770-5. Epub 2020 Jul 15. PMID: 32669681.

WU, F. et al. A new coronavirus associated with human respiratory disease in China." *Nature* 2020. 579, no. 7798: 265-269.

### Editorial Boletim Informativo LACEN/BA – EDIÇÃO 01 – 12.01.2021

Superintendência de Vigilância e Proteção da Saúde (SUVISA)

Rivia Barros

Laboratório Central de Saúde Pública Profº Gonçalo Moniz (LACEN/BA)

Arabela Leal e Silva de Mello

Coordenação de Laboratórios de Vigilância Epidemiológica (CLAVEP)

Coordenadora Técnica:

Felicidade Mota Pereira

Equipe Técnica:

Vanessa Brandão Nardy

Breno F. de C. Dominguez Souza

Luciana Reboredo de Oliveira da Silva

Patrícia Cajado Bastos Sampaio

Stephane Fraga de Oliveira Tosta

Análise dos dados:

Marta Giovanetti

Vagner Fonseca

Luiz Carlos Junior Alcantara

Edição:

Mariana Nossa Aragão