

Boletim Informativo

**Vigilância Genômica
SARS-CoV-2**

Edição nº 01/2026

LACEN/BA
Laboratório Central de Saúde Pública



GOVERNO DO ESTADO

BAHIA

SECRETARIA
DA SAÚDE

Relatório da Vigilância Genômica do SARS-CoV-2

Vigilância Laboratorial

O presente boletim tem por objetivo apresentar dados relativos à vigilância genômica do SARS-CoV-2 no estado da Bahia. O vírus mantém circulação global e configura um desafio de saúde pública, demandando monitoramento contínuo, visto que o surgimento de novas variantes pode modificar de forma significativa o cenário epidemiológico da COVID-19.

A implementação sistemática da vigilância genômica busca ampliar o volume de dados de sequenciamento disponíveis em escala global, o que contribui para o aperfeiçoamento de protocolos diagnósticos, para a geração de evidências que subsidiam o desenvolvimento de vacinas e para a compreensão da dinâmica evolutiva do vírus. Ademais, no contexto do SARS-CoV-2, a vigilância genômica constitui ferramenta estratégica para rastrear a dispersão das VUMs (do inglês *Variants Under Monitoring*, variantes sob monitoramento/atenção) e das VOIs (do inglês *Variants of interest*, variantes de interesse), além de possibilitar a detecção precoce da introdução de novas sublinhagens no estado da Bahia.

Monitoramento Genômico de SARS-CoV-2

O Lacen realizou o sequenciamento genômico de um total de 303 amostras biológicas positivas para SARS-CoV-2, coletadas entre janeiro e dezembro de 2025, abrangendo a diversidade geográfica de 74 municípios do estado da Bahia, assegurando a representatividade da vigilância genômica em todo o território estadual durante o referido ano.

O perfil demográfico das amostras do estado da Bahia (Figura 1) revelou uma predominância do sexo feminino 59,08% (n=179) em comparação ao sexo masculino (40,92% (n=124).

No que tange à distribuição etária, a maior concentração de resultados detectáveis ocorreu na população adulta (42,24%; n=128), seguida pelos idosos (20,79%; n=63) e por uma frequência expressiva de lactentes (18,15%; n=55), enquanto adultos jovens representaram 10,56% e os demais grupos (crianças, pré-adolescentes e adolescentes) somaram menos de 9% do total amostrado.

Figura 1. Perfil demográfico das amostras sequenciadas, segundo faixa etária e gênero.

Fonte: GAL/Ba

As amostras sequenciadas foram selecionadas seguindo os seguintes critérios: suspeitas e/ou contatos de VUM (do inglês *Variants Under Monitoring*, variantes sob monitoramento/atenção), VOI (do inglês *Variants of interest*, variantes de interesse) ou informados pela vigilância; surtos e casos que evoluíram para óbitos; casos de COVID-19 que se agravaram rapidamente; amostras com alta carga viral (que apresentem *cycle threshold* - CT < 30); além de pacientes com diagnóstico positivo para SARS-CoV-2 com histórico de viagem para regiões de circulação de variantes de atenção. O processo utilizou a tecnologia de sequenciamento de nova geração (NGS) na plataforma MiSeq (Illumina®), alcançando, na maioria das amostras, uma cobertura superior a 90% do genoma completo.

Para designação das linhagens todas as sequências foram analisadas utilizando o *Geneious Prime Software* (Kearse *et al*, 2012), que realiza a análise de qualidade e limpeza das leituras, seguida da montagem da sequência consenso do vírus utilizando a abordagem de mapeamento por referência. Em seguida, estas sequências foram curadas utilizando o *software* online *Aliview* (Larsson, A., 2014) e submetidas à análise pelo *Nextclade* (Aksamentov *et al*, 2021) para determinar a linhagem do SARS-CoV-2 (Rambaut *et al*, 2020). Ressalta-se que as designações de linhagens estão sujeitas a atualizações conforme novos dados genômicos se tornam disponíveis. As frequências das linhagens e suas sublinhagens identificadas no período estão descritas abaixo na Tabela 1.

Para análise filogenética, foi utilizado o *Software VIPER (Viral Identification Pipeline for Emergency Response)* que utiliza para alinhamento das sequências o MAFFT (Katoh *et al*, 2019) e posteriormente submetem à identificação de sinal filogenético e análise filogenética por *maximum likelihood* utilizando o *software* IQTREE (Minh *et al*, 2020). O modelo evolutivo selecionado pelo *Jmodeltest* (Darriba *et al*, 2012), implementado no IQTREE, foi o GTR+F+I+G4. A árvore foi anotada de acordo com as linhagens e o resultado pode ser observado na Figura 3.

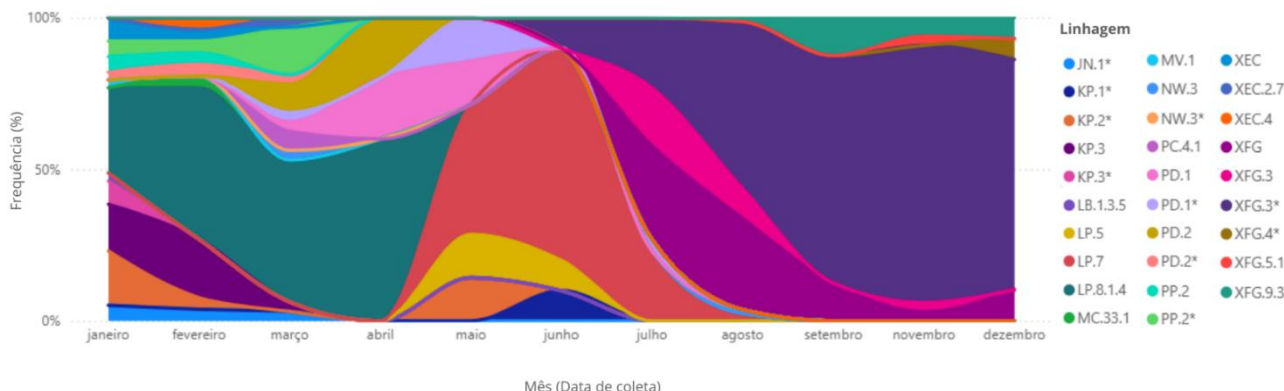
Tabela 1. Frequência das linhagens e sublinhagens do SARS-CoV-2 identificadas durante janeiro de 2025 a dezembro de 2025 pelo LACEN, no estado da Bahia.

Linhagem	n	%	Sublinhagem	n	%
JN.1	4	1,32%	JN.1.11	1	0,33%
			JN.1.16.1	1	0,33%
			JN.1.3	1	0,33%
			JN.1.49.2	1	0,33%
KP.1	1	0,33%	KP.1.1.3	1	0,33%
KP.2	9	2,97%	KP.2.3.12	7	2,31%
			KP.2.3.12	1	0,33%
			KP.2.3.9	1	0,33%
KP.3	15	4,95%	KP.3	6	1,98%
			KP.3	6	1,98%
			KP.3.1	2	0,66%
			KP.3.1.1	1	0,33%
LB.1	1	0,33%	LB.1.3.5	1	0,33%
LP.5	2	0,66%	LP.5	2	0,66%
LP.7	18	5,94%	LP.7	18	5,94%
LP.8	42	13,86%	LP.8.1.4	12	3,96%
			LP.8.1.4	30	9,90%
MC.33	1	0,33%	MC.33.1	1	0,33%
MV.1	1	0,33%	MV.1	1	0,33%
NW.3	2	0,66%	NW.3	1	0,33%
			NW.3.1	1	0,33%
PC.4	2	0,66%	PC.4.1	2	0,66%
PD.1	6	1,98%	PD.1	3	0,99%
			PD.1.2	2	0,66%
			PD.1.2.1	1	0,33%
PD.2	18	5,94%	PD.2	4	1,32%
			PD.2.1	3	0,99%
			PP.2	3	0,99%
			PP.2.1	8	2,64%
XEC	4	1,32%	XEC	3	0,99%
			XEC	1	0,33%
XEC.2	1	0,33%	XEC.2.7	1	0,33%
XEC.4	1	0,33%	XEC.4	1	0,33%
XFG	38	12,54%	XFG	38	12,54%
			XFG.3	14	4,62%
			XFG.3.1	1	0,33%
			XFG.3.18.1	6	1,98%
			XFG.3.21	1	0,33%
			XFG.3.3.1	7	2,31%
			XFG.3.4	2	0,66%
XFG.3.4.1	66	21,78%			

			XFG.3.4.2	28	9,24%
			XFG.3.4.6	2	0,66%
XFG.4	2	0,66%	XFG.4.1	1	0,33%
			XFG.4.1.4	1	0,33%
XF.5	1	0,33%	XFG.5.1	1	0,33%
XFG.9	7	2,31%	XFG.9.3	7	2,31%
			TOTAL	303	100,00%

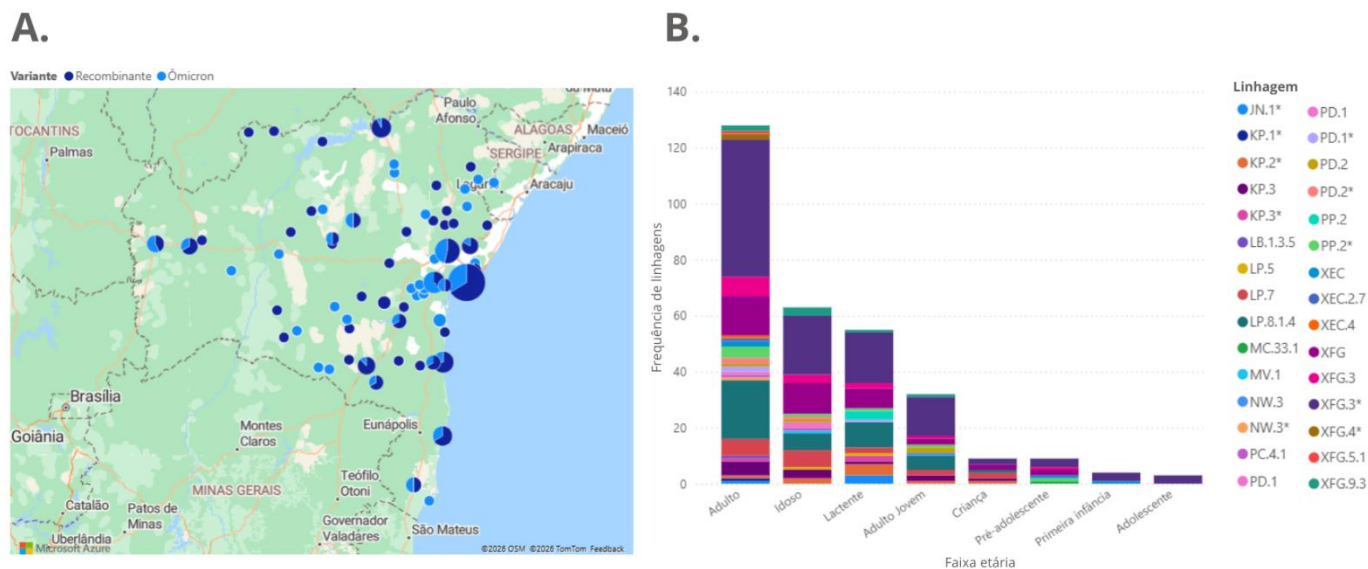
A caracterização genômica das amostras de SARS-CoV-2 analisadas revelou uma distribuição heterogênea, composta por diversas linhagens e sublinhagens, conforme detalhado na Tabela 1. A análise das frequências absolutas (n) e percentuais (%) e da distribuição espacial das variantes no estado da Bahia (Figura 2.A) evidenciou uma predominância de linhagens Recombinantes e da variante Ômicron.

Gráfico 1. Frequência e distribuição das linhagens do SARS-CoV-2 identificadas durante os meses de janeiro a dezembro de 2025 pelo LACEN/BA no estado da Bahia.



Fonte: GAL/Ba.

Figura 2. Distribuição espacial e perfil genômico das amostras no ano de 2025. (A) Mapeamento geográfico das variantes Recombinante e Ômicron no território estadual. (B) Frequência absoluta de linhagens virais distribuídas por faixas etárias.



A análise de frequência demonstrou a hegemonia da linhagem recombinante XFG.3, identificada em 41,91% das amostras. Dentro deste grupo, destacou-se a sublinhagem XFG.3.4.1, que apresentou uma frequência individual de 21,78%, consolidando-se como o genótipo mais expressivo no período avaliado. Adicionalmente, a linhagem LP.8 apresentou relevância estatística na amostragem, com 42 ocorrências (13,86%), seguida pela linhagem parental XFG, registrada em 38 amostras (12,54%).

O restante do perfil genômico foi caracterizado por uma elevada diversidade de linhagens com baixa representatividade amostral. Diversas variantes foram detectadas de forma isolada (apenas uma ou duas amostras cada), correspondendo individualmente a valores inferiores a 1,00% do montante total. Esses achados indicam a presença de variantes raras ou circulações pontuais na população estudada, contrastando com a estabilidade das linhagens dominantes do complexo XFG e LP.8.

A análise da distribuição temporal das linhagens de SARS-CoV-2 revelou uma dinâmica de substituição de variantes bem definida ao longo dos meses de 2025 (Gráfico 1). No primeiro trimestre (janeiro a março), observou-se uma cocirculação de diversas linhagens, com destaque para a LP.8.1.4, que manteve uma presença constante, acompanhada por frequências moderadas de KP.3, KP.2 e XEC. Nesse período, a diversidade genética era maior, sem a dominância absoluta de um único grupo.

A partir de abril e maio, nota-se o declínio das linhagens dominantes do início do ano e a emergência da linhagem LP.7, que serviu como uma fase de transição epidemiológica. Em junho, os dados de sequenciamento registram a introdução da linhagem XFG.3, que rapidamente iniciou sua trajetória de ascensão.

No segundo semestre, especificamente a partir de julho, ocorreu uma mudança drástica no perfil genômico da população estudada. As linhagens do complexo XFG (incluindo XFG parental, XFG.3 e suas sublinhagens como a XFG.9.3 e XFG.4) passaram a dominar quase a totalidade das amostras sequenciadas.

Entre os meses de agosto e dezembro, o cenário epidemiológico consolidou-se como praticamente monotípico, com a XFG.3 e suas derivações apresentando uma hegemonia sustentada. Até o final do período analisado, em dezembro, não foram detectadas novas linhagens com capacidade competitiva para deslocar o grupo XFG, confirmando sua fixação temporal como a principal linhagem circulante no encerramento do ano de 2025.

A análise filogenética dos genomas de SARS-CoV-2 (Figura 3) no ano de 2025 confirmou os padrões observados nas frequências e na distribuição temporal das linhagens, evidenciando a consolidação do complexo recombinante XFG, especialmente da sublinhagem XFG.3.4.1, como grupo dominante no segundo semestre de 2025. As linhagens detectadas no início do ano (JN, KP, LP e XEC) permaneceram restritas a ramos periféricos, enquanto variantes raras formaram agrupamentos isolados, compatíveis com eventos pontuais de introdução. Esses achados revelam uma transição epidemiológica marcada pela substituição progressiva de linhagens por um clado recombinante com transmissão comunitária sustentada.

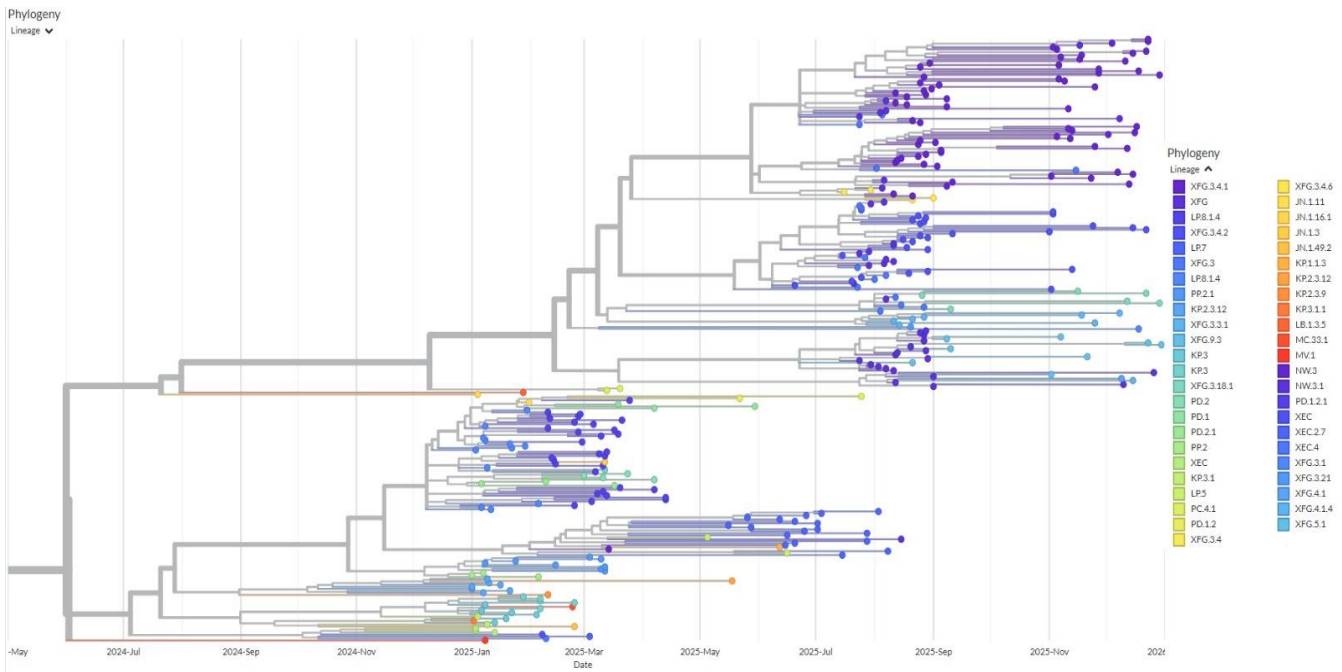


Figura 3. Reconstrução filogenética por *maximum likelihood* das sequências do SARS-CoV-2 geradas no LACEN/BA durante os meses de janeiro a dezembro de 2025.

Fonte: Gisaid.org

A dinâmica genômica observada no ano de 2025 revela uma transição epidemiológica marcante, caracterizada pela substituição de linhagens clássicas por recombinantes de alta transmissibilidade. A predominância da variante Ômicron reafirma sua resiliência evolutiva; entretanto, o dado mais relevante é a ascensão da linhagem XFG.3 e sua sublinhagem XFG.3.4.1. Este fenômeno de dominância absoluta de uma recombinante reflete a principal estratégia de sobrevivência do SARS-CoV-2 em 2025: a fusão de materiais genéticos para maximizar o escape imunológico.

Ao contrastar estes dados com o cenário brasileiro, observa-se uma convergência direta. Enquanto o início de 2025 foi marcado pelas variantes da família JN.1 e as linhagens "FLiRT" (como KP.2 e KP.3), o Brasil testemunhou, a partir do segundo semestre, a rápida propagação da linhagem XFG, conhecida como Stratus (BRASIL, 2025). Os resultados aqui apresentados, que mostram a consolidação da XFG.3 a partir de julho, espelham os boletins da Fiocruz e do Ministério da Saúde, que identificaram a XFG em mais de 60% dos sequenciamentos nacionais no mesmo período (FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ, 2025).

Mundialmente, o cenário não foi diferente. A linhagem XFG foi detectada em mais de 38 países, apresentando uma vantagem competitiva severa sobre a variante XEC, que inicialmente prometia dominar o cenário global, mas perdeu fôlego diante da eficiência biológica da XFG.3.4.1 (WHO, 2025). Estudos internacionais sugerem que essa linhagem possui mutações específicas na

proteína Spike que não apenas facilitam a entrada nas células humanas, mas também alteram o perfil clínico, correlacionando-se a uma maior incidência de sintomas gastrointestinais e rouquidão, padrão que se distancia das linhagens ancestrais de 2020 (HARVEY et al., 2021).

O declínio das linhagens LP.8 (13,86%) e LP.7 coincide com o momento em que a XFG.3 atingiu o seu pico de adaptação. A presença de variantes com frequência inferior a 1,00% indica que, embora o vírus continue gerando mutações pontuais, a pressão seletiva do ambiente moldada pela imunidade híbrida (vacina + infecção prévia) está favorecendo quase exclusivamente o complexo XFG atualmente.

Em conclusão, os dados demonstram que o SARS-CoV-2 permanece em um estado de evolução ativa e imprevisível. A estabilização das linhagens XFG no final de 2025 não deve ser interpretada como o fim da evolução viral, mas como um platô que precede novas adaptações. Diante deste cenário, a continuidade da vigilância genômica mostra-se indispensável. Somente o sequenciamento em tempo real permite a detecção precoce de variantes que possam romper totalmente a barreira vacinal (BRASIL, 2025).

Paralelamente, a atualização periódica das vacinas de RNA mensageiro para as cepas circulantes e a manutenção dos reforços nos grupos prioritários continuam sendo as ferramentas mais eficazes para reduzir o impacto da Covid-19 no sistema de saúde (WHO, 2025). A experiência de 2025 reforça que, embora a letalidade tenha diminuído, a alta taxa de transmissão e as novas manifestações clínicas das variantes recombinantes exigem uma resposta de saúde pública ágil e monitoramento constante.

REFERÊNCIAS

Aksamentov, I. *et al.* *Nextclade: clade assignment, mutation calling and quality control for viral genomes*. Journal of Open Source Software, 6(67), 3773 2021.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente. *Boletim Epidemiológico: Monitoramento das variantes de atenção do SARS-CoV-2 no Brasil*. Brasília: Ministério da Saúde, 2025.

Darriba D, *et al.* “*jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing*”. Nat Methods. Jul 30;9(8):772 2012.

FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ. *Rede Genômica Fiocruz: Relatório de monitoramento de linhagens e variantes do SARS-CoV-2*. Rio de Janeiro: Fiocruz, 2025.

HARVEY, W. T. *et al.* *SARS-CoV-2 variants, spike mutations and immune escape*. Nature Reviews Microbiology, [S. l.], v. 19, n. 7, p. 409-424, 2021. (Nota: Referência base para mutações na proteína Spike e escape imunológico).

Kearse M, *et al.* *Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data*. Bioinformatics. 2012 Jun 15;28(12):1647-9. doi: 10.1093/bioinformatics/bts199. Epub 2012 Apr 27. PMID: 22543367; PMCID: PMC3371832.

Katoh K, *et al.* “*MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization*” Briefings in Bioinformatics, Volume 20, Issue 4, Pages 1160–1166 2019.

Minh BQ, *et al.* “*IQ-TREE 2: New models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era*.” Mol. Biol. Evol., 37:1530-1534., 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.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. *Tracking SARS-CoV-2 variants*. Geneva: WHO, 2025. Disponível em: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>. Acesso em: 9 fev. 2026.

Editorial Boletim Vigilância Genômica SARS-CoV-2

LACEN/BA – EDIÇÃO nº 01/2026

Superintendência de Vigilância e Proteção da Saúde (SUVISA)
Rívia 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
Marcela Kelly Astete Gómez
Gabriela S. Menezes de Andrade

Análise dos dados e elaboração:
Vanessa Brandão Nardy
Marcela Kelly Astete Gómez
Gabriela S. Menezes de Andrade
Felicidade Mota Pereira

Edição:
Bruna Jesus