

# NOTA TÉCNICA

## Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 no Ceará

(Rastreamento e monitoramento da circulação de variantes)

Nº 08 | 17/07/2025



**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

**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  
Dayane Maria Ribeiro da Silva  
Karene Cavalcante Ferreira  
Karizya Holanda Verissimo Ribeiro  
Márcia Rogislene Fernandes  
Nicole Silva França  
Rosiane Marcelino Lobo Fernandes  
Vânia Angélica Feitosa Viana  
Williane Ferreira Lima

**Colaboração**  
Antônio Carlos de Lima Firmino  
Francisca Izabella de Freitas Nogueira  
Maria Elisabeth Lisboa de Melo  
Maria Gabriela Rodrigues da Costa  
Vitória Carla Carvalho

## 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 (1.067.011) um milhão, sessenta e sete mil e onze 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.

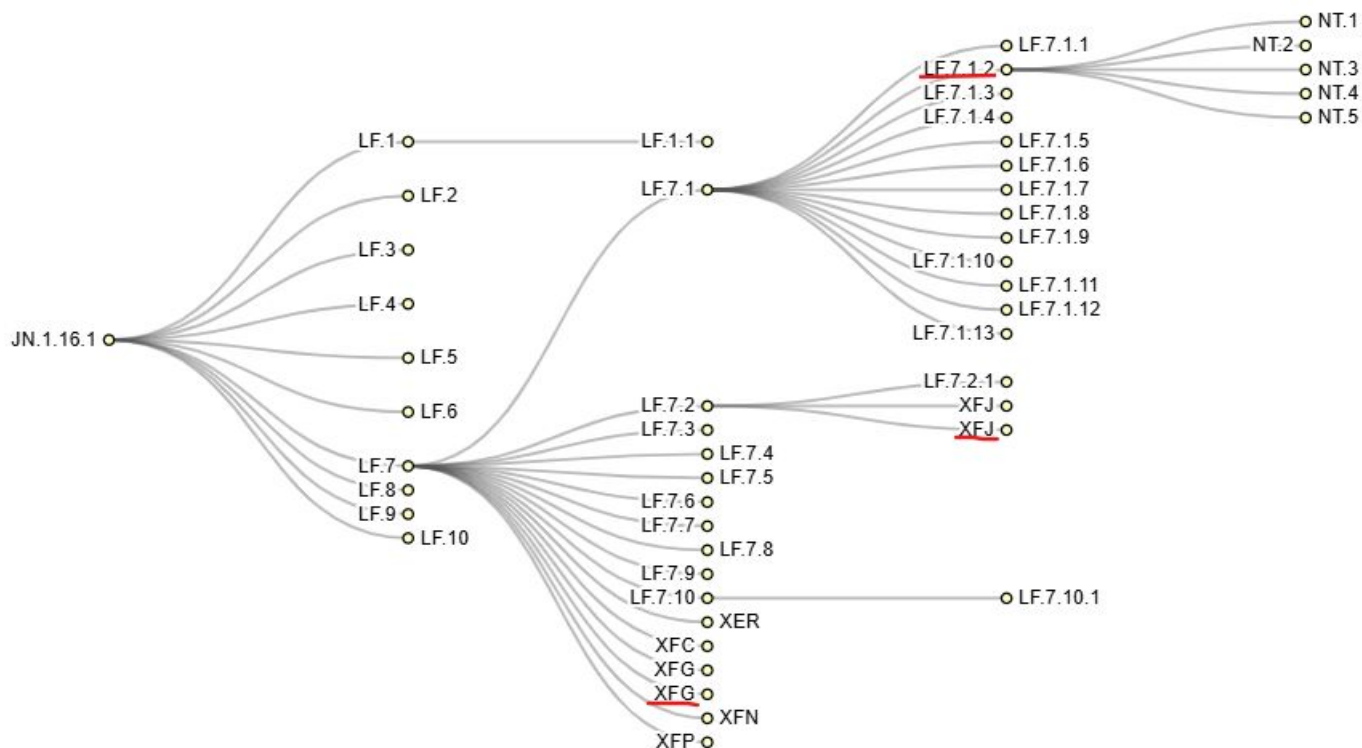
Embora a Organização Mundial de Saúde (OMS) tenha declarado que a Covid-19 não é mais uma Emergência em Saúde Pública de Importância Internacional (ESPII), é necessário realizar o monitoramento constante do agravo pois o vírus continua circulando em todos os continentes.

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 em 30/11/2023. Essas sublinhagens foram informadas na nota técnica N° 01 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 da Secretaria de Vigilância do estado do Ceará (Figura 1).

# INTRODUÇÃO

A partir desta linhagem JN.1, novas linhagens vêm surgindo e se espalhando pelo mundo (Figura 1). Neste sequenciamento realizado no LACEN-CE, identificamos as linhagens LF.7.1.2, XFJ e XFG, sendo essa última a que se encontrou em maior quantidade e que foi adicionada pela OMS, em 25 de junho de 2025, à lista de Variantes sob Monitoramento (VUM).



**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 13/07/2025>

O LACEN-CE vem por meio deste documento apresentar seus resultados mais recentes nesta seara, obtidos de amostras colhidas entre os dias 21 de junho de 2025 a 07 de julho de 2025, semanas epidemiológicas 25 a 28 de 2025.

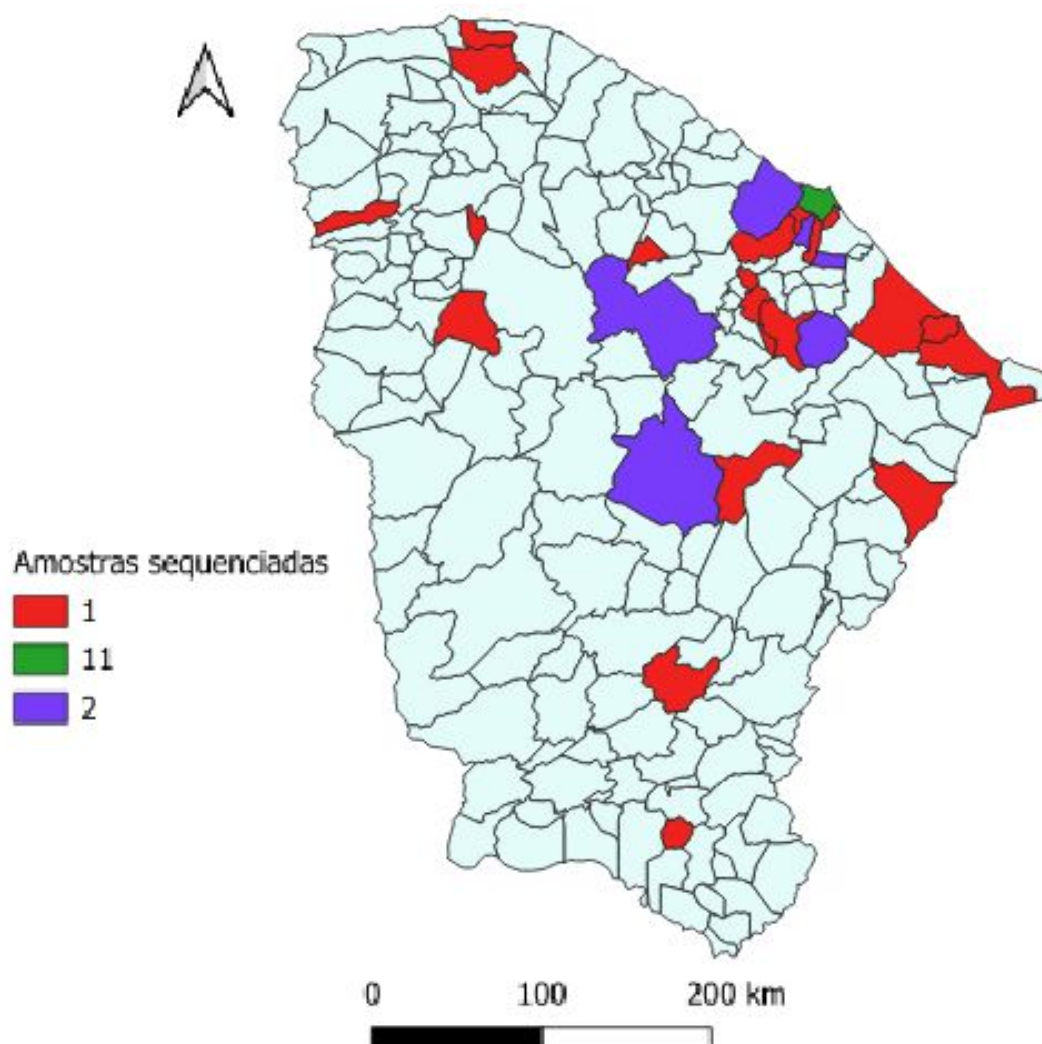
## AMOSTRAGEM

Foram selecionadas 47 amostras cujas coletas ocorreram entre os dias 21 de junho de 2025 a 07 de julho de 2025, semanas epidemiológicas 25 a 28 de 2025, 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 01 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 realizado utilizando a tecnologia Illumina no equipamento MiSeq™, onde todos os genomas conseguiram ser sequenciados. Entretanto, 1 genoma apresentou cobertura abaixo de 90% e 46 genomas obtiveram cobertura acima de 96,2%. 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)). 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.

## RESULTADOS

Das 47 amostras elegíveis para o sequenciamento, 46 apresentaram cobertura superior a 96,2% do genoma total, sendo que 3 amostras eram de pacientes oriundo de outros estados (Amazonas, Rio Grande do Norte e Paraíba), sendo, excluídas desta nota técnica, totalizando 43 amostras, onde 25,6% (11/43) foram coletadas no município de Fortaleza (Figura 2). Os outros municípios com amostras sequenciadas foram Aracati (01), Aracoiaba (01), Banabuiú (01), Baturité (01), Beberibe (01), Bela Cruz (01), Canindé (02), Caucaia (02), Cruz (01), Eusébio (01), Fortim (01), General Sampaio (01), Groaíras (01), Hidrolândia (01), Horizonte (02), Iguatu (01), Itaitinga (01), Juazeiro do Norte (01), Maracanaú (01), Maranguape (01), Ocara (02), Pacatuba (02), Pacoti (01), Quixeramobim (02), Tabuleiro do Norte (01) e Ubajara (01).



**Figura 2:** Município de residência dos pacientes cujas amostras foram sequenciadas para SARS-CoV-2. SEQ12\_25. SE 25 a 28 de 2025.

Fonte: LACEN-CE. Qgis versão 3.36.1. Dados atualizados em 08/07/2025

## RESULTADOS

As amostras oriundas do sexo masculino foram 51,2% das amostras sequenciadas e a faixa etária que obteve maior quantidade de amostras sequenciadas foi de 41 a 60 anos (Tabela 1).

Variável	N	%
Sexo		
Masculino	22	51,2
Feminino	21	48,8
Faixa Etária (anos)		
0 - 10	8	18,6
11 – 20	3	7,0
21 – 40	4	9,3
41 – 60	14	32,5
61 – 80	8	18,6
>80	6	14,0

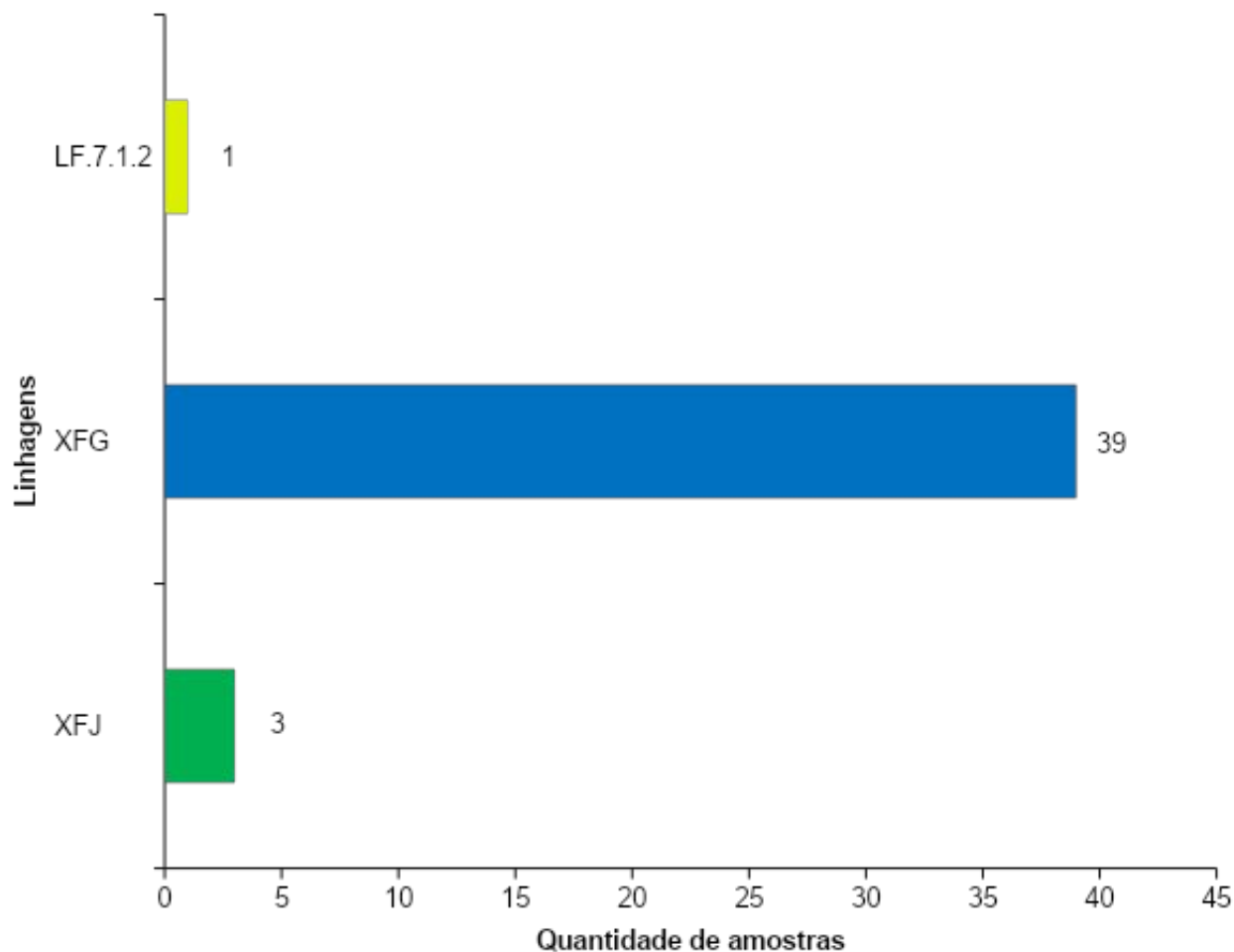
**Tabela 1:** Idade e sexo dos pacientes, cujas amostras foram sequenciadas para SARS-CoV-2.

SEQ12\_25. SE 25 a 28 de 2025.

LACEN-CE. Dados atualizados em 08/07/2025

## RESULTADOS

Das análises realizadas, a variante XFG, detectada pela primeira vez no Ceará, foi identificada em 42 amostras analisadas. Destas, 39 corresponderam a residentes do estado do Ceará e 3 a indivíduos de outros estados brasileiros. Além dessa, outras linhagens também foram identificadas, incluindo XFJ e LF.7.1.2 (Figura 3).



**Figura 3:** Linhagens identificadas, no Ceará, no sequenciamento SEQ12\_25. SE 25 a 28 de 2025.

LACEN-CE. Dados atualizados em 12/07/2025



## CONCLUSÃO

Destaca-se o papel fundamental do LACEN-CE na vigilância genômica dos agravos de importância em saúde pública no estado do Ceará. A identificação do perfil genômico do SARS-CoV-2 e de suas linhagens circulantes no estado permite o planejamento de políticas públicas de saúde mais efetivas.

Nesse sequenciamento realizado pelo LACEN-CE, referente às semanas epidemiológicas (SE) 25 a 28 de 2025, foram identificadas, no Ceará, as sublinhagens **LF.7.1.2, XFJ e XFG**.

Das sublinhagens oriundas da linhagem JN.1 temos a sublinhagem **XFG**, predominante neste sequenciamento. A XFJ, uma sublinhagem recombinante, foi identificada pela primeira vez no Brasil neste sequenciamento, segundo pesquisa no covSPECTRUM GISAID. Todas as sublinhagens identificadas neste sequenciamento já se encontram em circulação na Europa, Ásia, África e América do Norte. Os genomas deste sequenciamento estão sendo depositados no GISAID.

O Ministério da Saúde ressalta que seja priorizado o diagnóstico laboratorial por RT-qPCR, 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 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.

- 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.
- Monitoramento contínuo do SARS-CoV-2, por meio da testagem por RT-qPCR, independente da utilização de testes imunocromatográficos por possibilitar 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 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 13/09/2024.

Informe Epidemiológico da Vigilância da Covid-19, influenza e outros vírus respiratórios - **Semana epidemiológica 27**, 05 de julho de 2025. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/c/covid-19/publicacoes-tecnicas/informes/informe-se-27-de-2025.pdf>

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>>.

## REFERÊNCIAS

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. [Accessado 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