

RELATÓRIO GENÔMICO SERGIPE nº 01/2022

Relatório dos resultados parciais referentes ao sequenciamento genético de nova geração das amostras de SARS-Cov positivas realizado no Lacen Sergipe.

No dia 11 de fevereiro de 2022, a equipe do Lacen Sergipe realizou o sequenciamento de genoma completo SARS-CoV-2 para 8 amostras de secreção nasofaríngea, provenientes de pacientes com sintomas de covid-19 residentes no Estado de Sergipe, cujo diagnóstico molecular por qPCR resultou positivo para o SARS-CoV-2.

Os genomas sequenciados, utilizando a tecnologia desenvolvida pela Illumina e o equipamento MiSeq, apresentaram em sua grande maioria (6 das 8 amostras) cobertura superior a 99% do genoma total.

O critério para a seleção das amostras seguiu a ordem da lista que o laboratório possuía para enviar para a Fiocruz. Como se tratava de um treinamento, não realizamos a seleção randômica que pretendemos fazer a partir de agora, para que os resultados sejam representativos da realidade do Estado de Sergipe. Neste sequenciamento, todos os 08 pacientes foram provenientes do município da Barra dos Coqueiros. As amostras selecionadas apresentaram valores de Ct (Cycle threshold) que variaram entre 20 e 24, com um valor médio de 22. Os dados estão presentes na Tabela 01, no final deste documento.

As 8 sequências genômicas do vírus SARS-CoV-2 foram analisadas utilizando o software Genome Detective - Coronavirus Typing Tool.

As 7 amostras que obtiveram êxito no sequenciamento apresentaram um perfil genético compatível com a variante de preocupação (VOC) Ômicron, com quatro amostras da linhagem BA.1 e três da linhagem BA.1.1. Uma amostra não apresentou resultados com cobertura satisfatória para que a análise fosse concluída. A Figura 01 traz as frequências das linhagens encontradas nessa rodada teste.

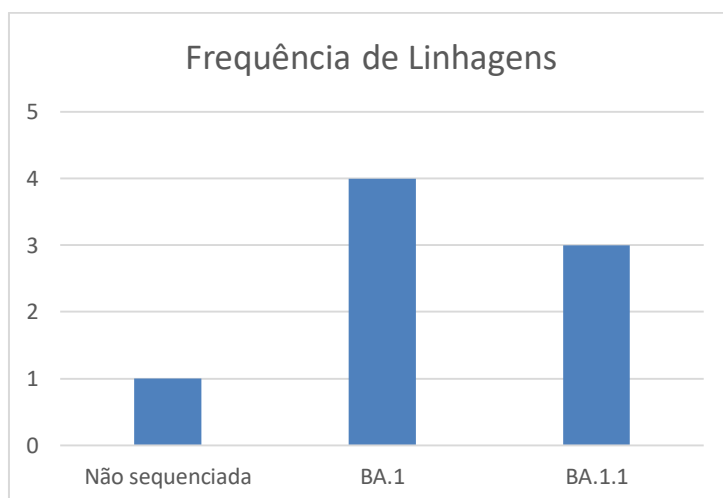


Figura 1: Frequência das linhagens encontradas na rodada de treinamento do Lacen Sergipe, realizada no dia 11 de fevereiro de 2022, com um total de 08 amostras. Uma delas não apresentou cobertura suficiente para ser identificada, quatro amostras foram da variante Ômicron linhagem BA.1 e três amostras foram da variante Ômicron linhagem BA.1.1.

A avaliação da linhagem foi realizada utilizando a ferramenta *Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak LINeages* disponível em <https://github.com/hCoV-2019/pangolin>. O estudo filogenético dessas amostras está representado pela Figura 2, caracterizando a filogenia dos vírus sequenciados.

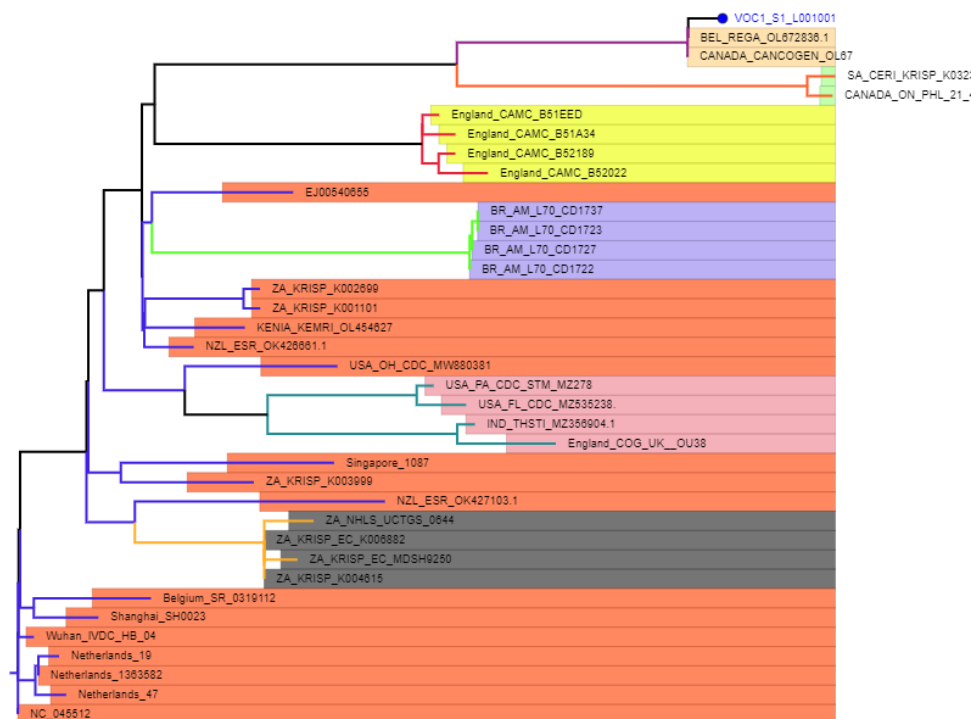


Figura 2. Filogenia do vírus SARS-CoV-2 reconstruída utilizando seqüências genômicas isoladas em Sergipe e seqüências de referência presentes no banco de dados da ferramenta do Genome Detective-Coronavirus TypingTool, disponível online (CLEEMPUT et al., 2020)

Os dados encontrados demonstram continuidade com o perfil demonstrado no último Boletim Epidemiológico de Sergipe, que trabalhou com amostras até a data de 20 de janeiro de 2022. A distribuição das linhagens está representada na Figura 3, que traz o panorama de infectividade no Estado de Sergipe desde o início da pandemia, em março de 2020. Com isso, já é possível constatar a transmissão comunitária da variante Ômicron no Estado de Sergipe.

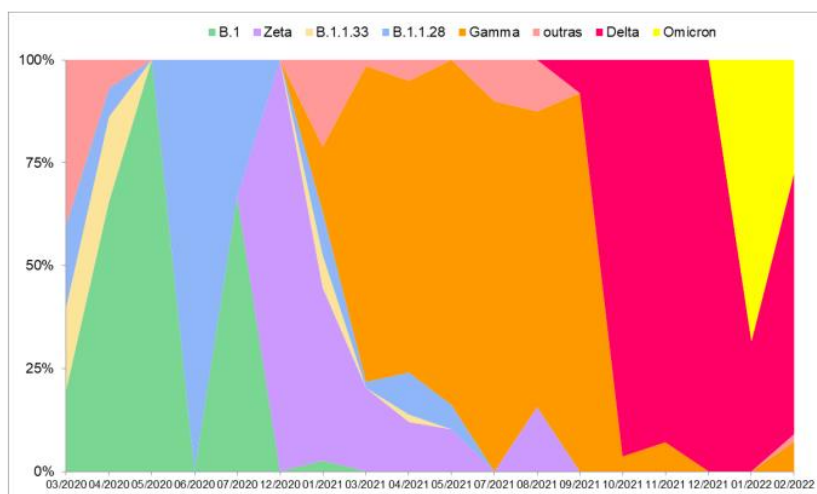


Figura 3. Frequência das linhagens mais frequentes em Sergipe desde o início da pandemia, em março de 2020.

Mais esforços para a continuidade da análise das linhagens por sequenciamento são necessários, para geração de novos dados genômicos que permitirão realizar inferências filogenéticas mais detalhadas sobre a dispersão do vírus no estado.

Novas bibliotecas já estão em fase de produção, para que tão logo seja possível, novas rodadas de sequenciamento sejam processadas e analisadas.

Tabela 1. Lista das amostras sequenciadas no LACEN/SE

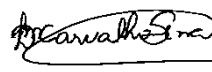
	ID Amostra	Requisição GAL	CT	Tipo de amostra	Município	Data da Coleta	Início sintomas	Idade	Sexo	ID Amostra	Requisição GAL	Reads	Coverage	Depth of Coverage	Identity NT	Identity AA	Lineages
1	280540374	22010 10012 51	24	Swab Nasofaringe	Barra dos Coqueiros	20/01/2022	17/01/2022	46	M	28054 0374	22010 10012 51	11745	94,3	52,1	99,8	99,7	BA.1
2	280540376	22010 10012 52	24	Swab Nasofaringe	Barra dos Coqueiros	20/01/2022	19/01/2022	57	F	28054 0376	22010 10012 52	27037 05	99,9	11409 .9	99,8	99,7	BA.1. 1
3	280540377	22010 10012 53	24	Swab Nasofaringe	Barra dos Coqueiros	20/01/2022	19/01/2022	23	F	28054 0377	22010 10012 53	33901 51	99,9	14312 .6	99,8	99,7	BA.1. 1
4	280540378	22010 10012 54	21	Swab Nasofaringe	Barra dos Coqueiros	20/01/2022	17/01/2022	39	M	28054 0378	22010 10012 54	16709. 7	99,8	16709 .7	99,8	99,6	BA.1
5	280540380	22010 10012 55	22	Swab Nasofaringe	Barra dos Coqueiros	20/01/2022	19/01/2022	24	F	28054 0380	22010 10012 55	45825 19	99,8	19365 .4	99,8	99,6	BA.1
6	280540382	22010 10012 56	21	Swab Nasofaringe	Barra dos Coqueiros	20/01/2022	19/01/2022	62	F	28054 0382	22010 10012 56	33544 26	99,6	14209 .8	99,8	99,6	BA.1
7	280540385	22010 10012 57	24	Swab Nasofaringe	Barra dos Coqueiros	20/01/2022	19/01/2022	39	F	28054 0385	22010 10012 57	28295 71	99,6	11976 .8	99,8	99,6	BA.1. 1
8	280540386	22010 10012 58	23	Swab Nasofaringe	Barra dos Coqueiros	20/01/2022	16/01/2022	31	M	28054 0386	22010 10012 58	356	43,2	3	99,8	99,9	*

Aracaju, 13 de Maio de 2022.

Atenciosamente,



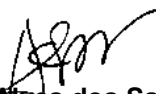
Gabriela Vasconcelos Brito Bezerra
Gerente Gebio - FSPH/Lacem-SE



Ludmila Oliveira Carvalho Sena
RT Biologia Molecular - FSPH/Lacem-SE



Aline Rafaelle Rocha Almeida de Azevedo Marinho
Assessora Técnica em Vigilância e Saúde - FSPH/Lacem-SE



Cliomar Alves dos Santos
Superintendente FSPH/Lacem-SE

Referências

Sara Cleemput, Wim Dumon, Vagner Fonseca, Wasim Abdool Karim, Marta Giovanetti, Luiz Carlos Alcantara, Koen Deforche, Tulio de Oliveira, Genome Detective Coronavirus Typing Tool for rapid identification and characterization of novel coronavirus genomes, *Bioinformatics*, Volume 36, Issue 11, June 2020, Pages 3552–3555, doi: 10.1093/bioinformatics/btaa145.

Rambaut A, Holmes EC, O'Toole Á, Hill V, McCrone JT, Ruis C, du Plessis L, Pybus OG. 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.

Nota Técnica 01/2021 – Rede Genômica – Fiocruz Disponível em: <http://www.genomahcov.fiocruz.br/wpcontent/uploads/2021/01/NOTA-TECNICA-MS-2021-01-12-Copia-1.pdf>.

Richard Steiner Salvato, Tatiana Schäffer Gregianini. Boletim Genômico 03/2021 – Vigilância Genômica de SARS-CoV-2 no Rio Grande do Sul. Governo do Estado do Rio Grande do Sul – Secretaria Estadual de Saúde – Centro Estadual de Vigilância em Saúde. V. 3, p. 1-11, 2021.