

NOTA TÉCNICA

Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 no Ceará (XFG.10.4 / QF.2.1)

SE 25 a 31 de 2026

Nº 05 | 21/09/2026



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

Antonio 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

Superintendente do Laboratório Central de Saúde Pública (LACEN/CE)

Ítalo José Mesquita Cavalcante

Direção de Biologia Médica

Karene Ferreira Cavalcante

Elaboração

Shirlene Telmos Silva de Lima
Vânia Angélica Feitosa Viana
Camila Freitas Andrade
Karene Ferreira Cavalcante

Revisão

Karizya Holanda Verissimo Ribeiro
Nicole Silva França

Colaboração

Alexana Amaral de Oliveira
Antônio Carlos de Lima Firmino
Antônio Elton de Sousa Almeida
Guilherme Martins Rodrigues
Igor Moreira Almeida
Isabel Saraiva Montesuma
Larissa Maria façanha Duarte
Laysce Rodrigues de Oliveira
Lorena Martins de Lima
Maria Elisabeth Lisboa de Melo
Ricristhi Gonçalves de Aguiar Gomes
Vitória Carla Carvalho

APRESENTAÇÃO

A Secretaria da Saúde do Estado do Ceará (SESA), por meio do Laboratório Central de Saúde Pública do Ceará (Lacen-CE), em conjunto com a Coordenadoria de Vigilância Epidemiológica e Prevenção em Saúde (COVEP), informa quanto as **atualizações sobre a vigilância genômica, rastreamento e monitoramento de variantes do SARS-CoV-2 no estado do Ceará.**

As estratégias e medidas atualmente recomendadas por organizações internacionais de saúde, como a OMS e a OPAS, concentram-se na detecção precoce de variantes do SARS-CoV-2 e na realização de estudos sobre a dispersão viral, aspectos fundamentais para a compreensão dos padrões globais de circulação do vírus, tanto no cenário atual quanto retrospectivamente.

O sequenciamento genético tem se consolidado como uma ferramenta essencial para a geração de dados genômicos, o fortalecimento da resposta laboratorial e o aprimoramento do entendimento dos padrões evolutivos e de circulação do SARS-CoV-2. Além disso, subsidia a tomada de decisões nas áreas terapêutica e diagnóstica, bem como contribui para a avaliação do impacto da vacinação.



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO
SECRETARIA DA SAÚDE

1. 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, tendo desempenhado papel central no diagnóstico molecular da covid-19 desde o início da pandemia, por meio da realização de testes de RT-qPCR para detecção do SARS-CoV-2. Além disso, o Lacen-CE vem promovendo investimentos contínuos em inovação tecnológica, com foco na incorporação de metodologias de alta complexidade, visando o fortalecimento do monitoramento laboratorial, do diagnóstico e da pesquisa de patógenos emergentes e reemergentes, incluindo a utilização de tecnologias de sequenciamento de nova geração.

Embora a Organização Mundial de Saúde (OMS) tenha declarado o fim da covid-19 como Emergência em Saúde Pública de Importância Internacional (ESPII), permanece fundamental a manutenção do monitoramento contínuo da doença. Isso se justifica pelo fato de o SARS-CoV-2 ainda apresentar circulação ativa em todos os continentes, com potencial para gerar novos surtos e variantes. Nesse contexto, a vigilância epidemiológica e laboratorial contínua torna-se essencial para a detecção precoce de mudanças no padrão de circulação viral, identificação de novas variantes e avaliação do impacto na saúde pública, subsidiando a adoção oportuna de medidas de prevenção e controle.

O SARS-CoV-2 permanece em circulação no Brasil e no mundo, apresentando constante evolução genética, o que o mantém como um relevante problema de saúde pública, 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 da transmissão do SARS-CoV-2 são de suma importância para a redução da morbimortalidade da doença (Brasil, 2023).

Nesse contexto, o sequenciamento genético destaca-se como uma ferramenta estratégica para a vigilância genômica, sendo essencial para a geração de dados que subsidiam o fortalecimento da resposta laboratorial e ampliam a compreensão dos padrões evolutivos e da dinâmica de circulação viral.

2. Metodologia

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, repositório mundial de sequências genômicas do vírus SARS-CoV-2, em 30/11/2023. Essas sublinhagens foram informadas na nota técnica Nº 01 (2024) emitida pela Secretaria da Saúde do estado do Ceará. Assim como 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 Nº10 (2024) da Secretaria de Vigilância do estado do Ceará.

Considerando a necessidade de monitoramento oportuno, foram selecionadas **amostras coletadas no período de 26 de junho de 2026 a 08 de agosto 2026, correspondentes às semanas epidemiológicas (SE) de 25 a 31**. Foram incluídas amostras com valores de Ct (*Cycle Threshold*) ≤ 27 , parâmetro indicativo de alta carga viral, além de outros critérios de elegibilidade, como amostras provenientes de indivíduos que evoluíram a óbito ou que apresentaram quadros clínicos graves. Adicionalmente, foi incluído um controle negativo no processamento das análises, visando assegurar a qualidade e a confiabilidade dos resultados obtidos.

A seleção das amostras foi realizada a partir do conjunto disponível no período analisado, buscando assegurar, sempre que possível, a representatividade territorial e epidemiológica. Para tanto, foram incluídas amostras provenientes de diferentes municípios do estado do Ceará, contemplando diversidade quanto às faixas etárias e sexo, de modo a refletir de forma mais abrangente o cenário epidemiológico e laboratorial observado.

O sequenciamento foi realizado utilizando a tecnologia Illumina no equipamento MiSeq™. As sequências genômicas do 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 por meio do Nextclade versão 3.23.0 (clades.nextstrain.org).

O sequenciamento teve como objetivo subsidiar a vigilância genômica do SARS-CoV-2 no estado do Ceará, possibilitando o monitoramento da circulação das VOC, atualmente representadas pela Ômicron, e a distribuição de sublinhagens de interesse para a saúde pública. Esses dados são fundamentais para compreender a dinâmica de circulação viral e subsidiar decisões estratégicas em saúde pública.

3. Resultados

Foram sequenciadas 20 amostras, das quais 65% (13/20) corresponderam a indivíduos do sexo feminino, evidenciando maior representatividade desse grupo no conjunto analisado. Em relação à distribuição etária, observou-se maior frequência de indivíduos nas faixas de 0 a 10 anos (30%), 21 a 40 anos (30%) e 61 a 80 anos (25%), conforme apresentado na Tabela 1. Adicionalmente, observa-se que a distribuição das amostras apresentam heterogeneidade entre as faixas etárias, com participação relevante tanto de grupos mais jovens quanto de idosos, indicando ampla circulação do agravo em diferentes perfis populacionais. Esses achados contribuem para a caracterização do perfil epidemiológico dos casos analisados, subsidiando o direcionamento das ações de vigilância e controle.

Tabela 1: Distribuição dos casos sequenciados para SARS-CoV-2, segundo sexo e faixa etária. SE 25 a 31 de 2026.

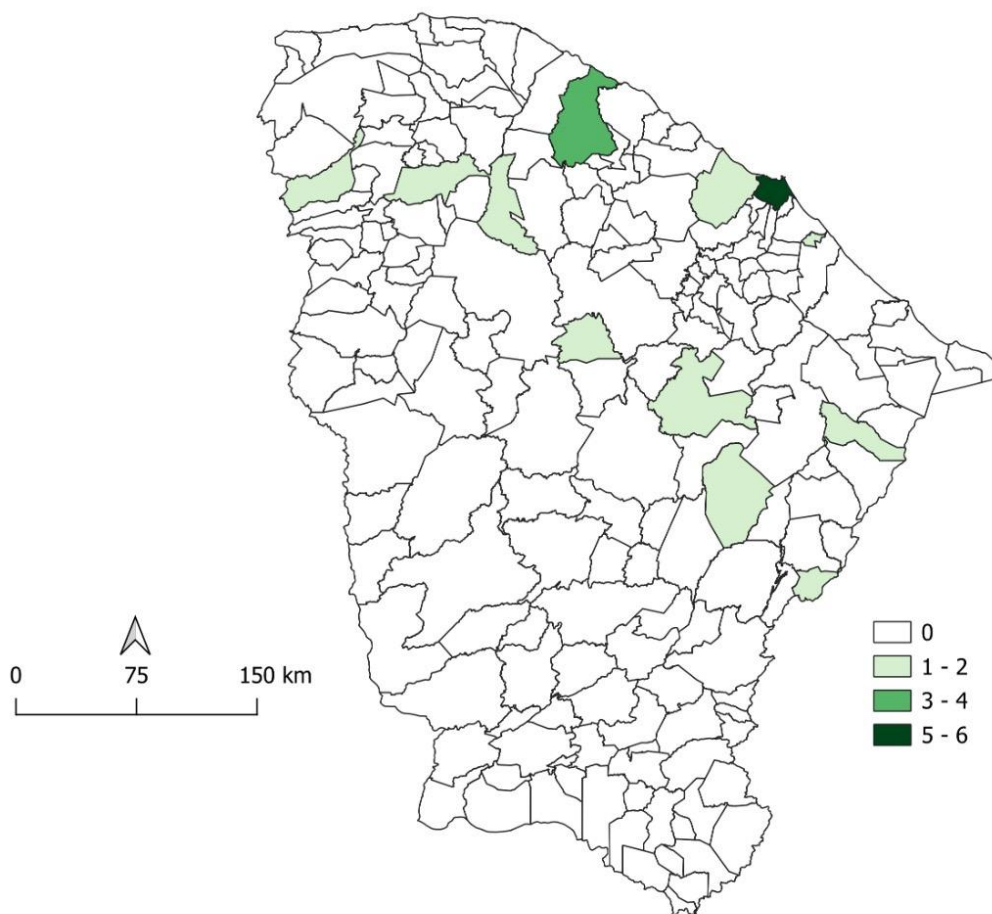
Variável	N	%
Sexo		
Masculino	7	35
Feminino	13	65
Faixa etária (anos)		
0 - 10	6	30
11 – 20	1	5
21 – 40	6	30
41 – 60	1	5
61 – 80	5	25
>80	1	5

Fonte: Lacen-CE. Dados exportados em: 02/09/2026

Foram analisados 20 registros no SI-PNI. Destes, 12 (60,0%) apresentavam registro de vacinação contra a COVID-19, enquanto 7 (35,0%) não apresentavam registro da vacina contra COVID-19 no sistema. Em 1 registro, não foi possível localizar o cadastro no SI-PNI. Entre os registros de vacinação contra COVID-19, foram identificadas vacinas Pfizer, Sinovac/Butantan, AstraZeneca/Fiocruz e Moderna (Spikevax), com datas de aplicação entre 2021 e 2026.

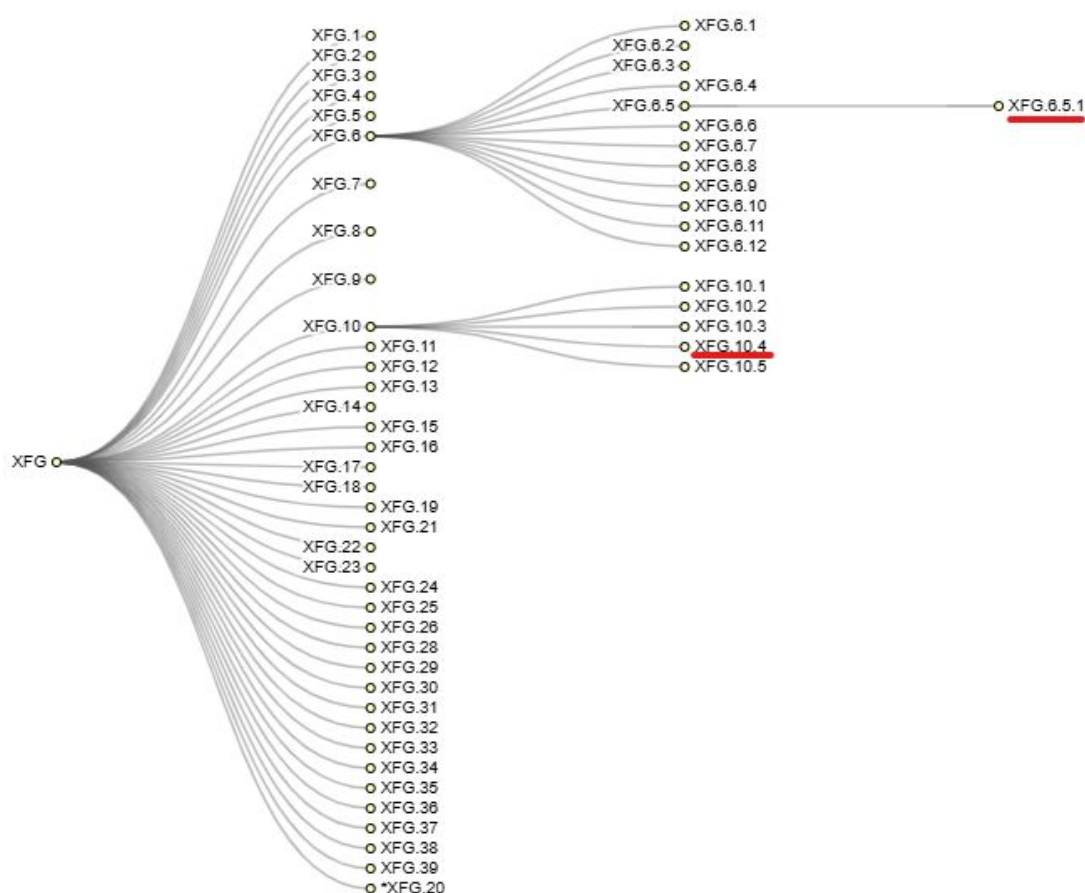
Entre as amostras sequenciadas, 30,0% foram provenientes do município de Fortaleza e 20,0% do município de Itapipoca, enquanto as demais distribuíram-se entre diferentes municípios do estado do Ceará, conforme apresentado na Figura 1. Foram identificados registros provenientes de 11 municípios: Fortaleza (6), Itapipoca (4), Caucaia (2), Itatira (1), Limoeiro do Norte (1), Sobral (1), Pindoretama (1), Ereré (1), Tianguá (1), Quixadá (1) e Jaguarétama (1), totalizando 20 amostras.

Figura 1: Distribuição das amostras sequenciadas para SARS-CoV-2, por município de residência, Ceará. SE 25 a 31 de 2026.



A sublinhagem XFG, incluída pela Organização Mundial da Saúde (OMS) em 25 de junho de 2025 na lista de Variantes sob Monitoramento (VUM), tem dado origem a sublinhagens recombinantes, as quais foram identificadas no sequenciamento realizado pelo Lacen-CE (Figura 2). Esses achados reforçam a importância da vigilância genômica contínua para o acompanhamento da evolução viral e detecção de novas combinações genéticas com potencial impacto epidemiológico.

Figura 2: Representação esquemática da origem das linhagens, em destaque as linhagens identificadas nesta nota técnica.

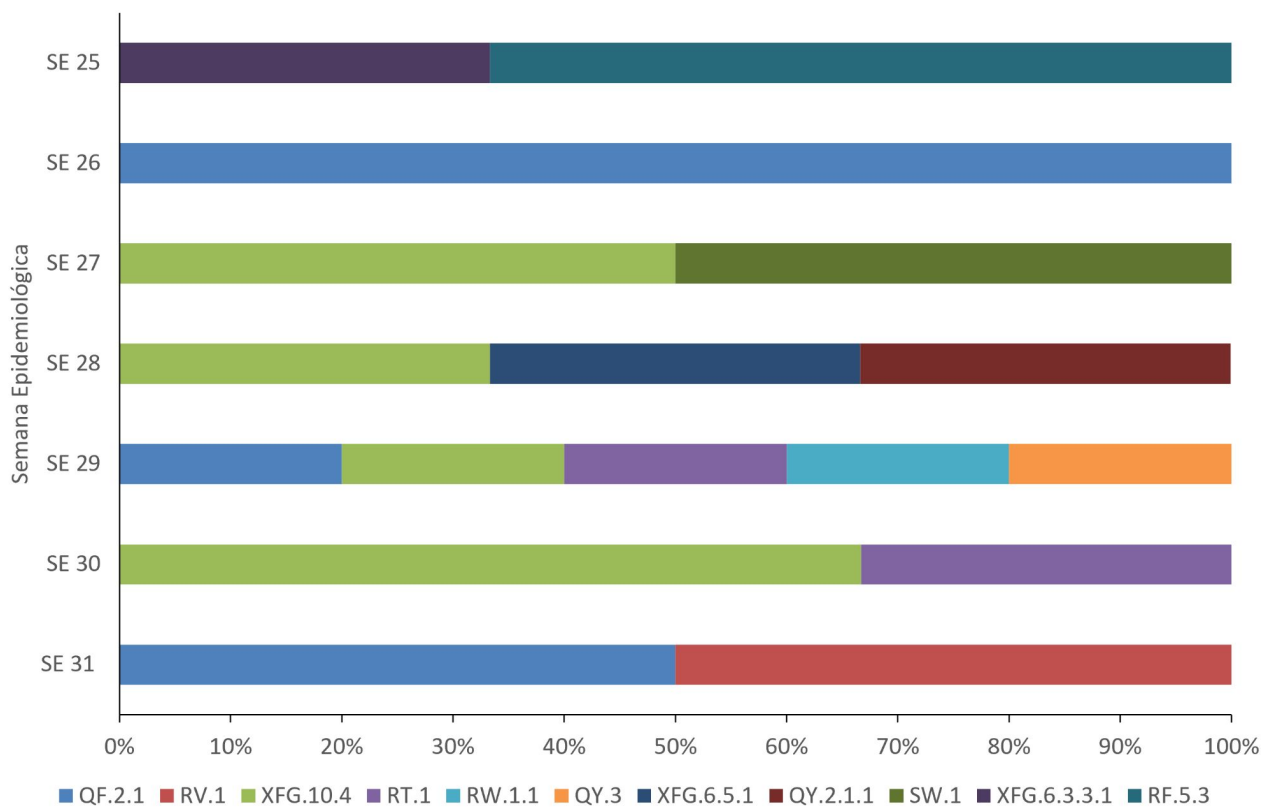


Fonte: CoV-Lineages. Lineage Tree. <https://old.observablehq.com/embed/6475ff63fc3ebfb3>. Dados exportados em: 02/09/2026

Além das sublinhagens recombinantes da XFG apresentadas na representação da figura 2, outras sublinhagens identificadas no sequenciamento, como QF.2.1, QY.2.1.1, QY.3, RF.5.3, RT.1, RV.1, RW.1.1 e SW.1 não são recombinantes e, portanto, não estão representadas acima. Essas sublinhagens surgiram por evolução independente dentro de seus grupos filogenéticos e, embora não sejam classificadas como VOC ou VOI, evidenciam a diversidade genética do vírus e reforçam a importância da vigilância genômica contínua.

A sublinhagem XFG.10.4 foi a mais frequente entre as amostras sequenciadas, correspondendo a 25,0% (5/20) do total, conforme ilustrado na figura 3. Esse achado evidencia a predominância dessa sublinhagem entre as amostras analisadas, indicando sua ampla circulação no estado durante o período avaliado, bem como a elevada frequência observada reforça sua importância no cenário epidemiológico, demonstrando sua contribuição para a dinâmica de transmissão do SARS-CoV-2. Cabe destacar a identificação das linhagens RT.1 e RV.1, até o momento não identificadas no Brasil.

Figura 3: Distribuição das linhagens de SARS-CoV-2 identificadas no sequenciamento genômico realizado no Ceará. SE 25 a 31 de 2026.



Fonte: Lacen-CE. Dados exportados em: 02/09/2026

4. Recomendações

Constata-se a circulação de variantes do SARS-CoV-2 no estado do Ceará, o que reforça a necessidade de manutenção e intensificação das ações de prevenção e controle. Diante desse cenário, recomenda-se a adoção das medidas a seguir, em especial às áreas e ambientes de maior risco de transmissão do agravo.

- A testagem é especialmente importante para elegibilidade ao tratamento com nirmatrelvir/ritonavir, disponível no SUS para pessoas ≥ 65 anos ou imunocomprometidas, até cinco dias do início dos sintomas;
- Monitoramento contínuo do SARS-CoV-2, por meio da testagem em sintomáticos por RT-qPCR, independente da utilização de testes imunocromatográficos para possibilitar a realização da Vigilância Genômica no estado do Ceará;
- Deve-se intensificar a busca ativa para atualização do calendário vacinal, priorizando grupos de risco e mais vulneráveis;
- Recomenda-se o uso de máscaras PFF2/N95 por: profissionais de saúde, em cuidado de pessoas com sintomas respiratórios; imunossuprimidos, especialmente em locais fechados ou com aglomeração. Destaca-se a importância da ventilação adequada, etiqueta respiratória e higienização das mãos.

A vigilância genômica constitui ferramenta essencial para o monitoramento dos padrões de circulação das VOCs, VOIs e VUMs do SARS-CoV-2, permitindo compreender sua dinâmica de circulação ao longo do tempo, bem como identificar precocemente a introdução de novas sublinhagens no estado do Ceará. Nesse contexto, o Lacen-CE desenvolve ações contínuas de vigilância, por meio da investigação de amostras suspeitas e da realização de sequenciamento genético, contribuindo para o monitoramento da circulação viral e para o fortalecimento das estratégias de resposta em saúde pública.

5. Conclusão

Destaca-se que o Lacen-CE desempenha papel estratégico na vigilância genômica de agravos de relevância para a saúde pública no estado do Ceará. A caracterização do perfil genômico do SARS-CoV-2 e das sublinhagens em circulação permite não apenas compreender a dinâmica evolutiva do vírus, mas também subsidiar o planejamento e a implementação de políticas públicas de saúde baseadas em evidências laboratoriais e epidemiológicas, fortalecendo a capacidade de resposta frente a cenários epidemiológicos em constante mudança.

No sequenciamento realizado pelo Lacen-CE, referente às semanas epidemiológicas 25 a 31 de 2026, foram identificadas as sublinhagens XFG.10.4, XFG.6.5.1, QF.2.1, QY.2.1.1, QY.3, RF.5.3, RT.1, RV.1, RW.1.1 e SW.1. **Com destaque para a descendente XFG.10.4 a qual representou 25,0% (5/20) nesse sequenciamento e para as linhagens RT.1 e RV.1 ainda não identificadas no Brasil, de acordo com pesquisa no GISAID em 02/09/2026.** Todas as sublinhagens encontradas neste sequenciamento ainda não são consideradas variantes de preocupação (VOC, Variant of Concern), de interesse (VOI, Variant of Interest) ou sob monitoramento (Variant under Monitoring) e sua identificação contribui para o monitoramento da diversidade genética viral, bem como para a detecção precoce de possíveis alterações nos padrões de circulação do vírus no território estadual.

Todos os genomas obtidos estão sendo depositados na plataforma GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data), uma base internacional de compartilhamento de dados genômicos, contribuindo para o fortalecimento do monitoramento em âmbito nacional e global. Essa iniciativa amplia a colaboração entre instituições de vigilância e pesquisa, além de favorecer o acompanhamento contínuo da evolução do vírus.

Adicionalmente, o Ministério da Saúde recomenda a priorização do diagnóstico laboratorial por RT-qPCR para a detecção do SARS-CoV-2, possibilitando a identificação de amostras positivas elegíveis para análise genômica. Essa estratégia fortalece e consolida a rede nacional de vigilância genômica, ao permitir o monitoramento contínuo da circulação viral e a detecção precoce de novas linhagens com potencial impacto epidemiológico.

REFERÊNCIAS

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**. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2024.

COV-LINEAGES. **Lineage Tree**. Disponível em: <https://old.observablehq.com/embed/6475ff63fc3ebfb3> . Acesso em: 2 setembro 2026.

COVSPECTRUM. Disponível em: <https://cov-spectrum.org/explore/Brazil/AllSamples/Past6M>. Acesso em: 2 setembro 2026.

OUTBREAK.INFO. Disponível em: <https://outbreak.info/>. Acesso em: 2 setembro 2026.

RAMBAUT, A. *et al*. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. **Nature Microbiology**, Londres, v. 5, n. 11, p. 1403-1407, 2020. DOI: 10.1038/s41564-020-0770-5.

SARS-CoV-2 **Lineage Tree**. Disponível em: <https://old.observablehq.com/embed/6475ff63fc3ebfb3> . Acesso em: 2 setembro 2026.



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO
SECRETARIA DA SAÚDE