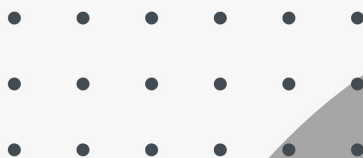




LABORATÓRIO ESTRATÉGICO 2017-2022



VEJA O PDF





O **Laboratório Estratégico** (LEIAL) foi criado em 2017 e faz parte da estrutura do **Centro de Respostas Rápidas** (CRR) do Instituto Adolfo Lutz. O CRR possui como atribuições: planejar e organizar as ações para detectar e oferecer respostas a eventos que possam se constituir em emergência de saúde pública; acompanhar e avaliar as ações de contenção e controle de surtos e epidemias, a partir de dados epidemiológicos; identificar os recursos humanos e materiais necessários à agilização de resultados e monitorar o cumprimento das responsabilidades do Instituto frente às emergências. Para que sua atuação seja efetiva, principalmente em tempos de crise, o CRR e as unidades subordinadas são consideradas **áreas estratégicas** no organograma institucional, conforme pode ser observado na figura abaixo:



A função primordial do LEIAL é dar respostas a eventuais ameaças em saúde pública, uma vez que realiza o desenvolvimento, a implantação e a implementação de métodos laboratoriais de alta complexidade para agilização da resposta diagnóstica de doenças infecciosas a nível molecular. Desde sua criação, o LEIAL foi capaz de responder às demandas feitas ao IAL que envolveram **técnicas de biologia molecular avançadas**, e trabalhou com informações provenientes das diversas instituições que compõem as vigilâncias, colaborando com o monitoramento de agravos emergentes em saúde pública.

A **epidemiologia molecular** dos vírus causadores da gripe, da COVID-19, da dengue e da febre Chikungunya, assim como de agentes bacterianos como *Neisseria meningitidis*, *Salmonella Typhi* e *Vibrio cholerae*, tem sido utilizada pelo Laboratório Estratégico para determinar a origem dos patógenos, suas relações e o esclarecimento dos surtos e epidemias, principalmente na tentativa de estabelecer uma correlação entre a virulência e o impacto desses agentes na população. Como exemplo, a **vigilância genômica** de *S. Typhi* e *V. cholerae* é realizada atualmente em tempo real, com a execução do sequenciamento dos genomas completos para identificar, precocemente, a introdução de novos clones em nossa região.

Além da atuação no enfrentamento direto a agravos para a resposta às vigilâncias, o LEIAL é a unidade responsável pelo apoio às demais áreas do Instituto, tanto em rotina, quanto na pesquisa científica, realizando o **sequenciamento de agentes infecciosos** por diversas metodologias, incluindo as de nova geração.

Logo no início de sua operação, o LEIAL implantou as metodologias de sequenciamento de bactérias, executando a **vigilância genômica de *Salmonella Typhi*, *Vibrio cholerae* e *Neisseria meningitidis* no país.**

Na **pandemia da COVID-19**, foi o primeiro laboratório no país que implantou a metodologia de RT-PCR para detecção do SARS-CoV-2, liberando os primeiros resultados. Além disso, o LEIAL obteve o **primeiro genoma do vírus no país**, em uma parceria com o Instituto de Medicina Tropical da USP. Com relação ao monitoramento genômico do novo coronavírus, foram depositados mais de 4.000 genomas de casos caracterizados clínico-epidemiologicamente na plataforma GISAID, sendo produzidos mais de 20 relatórios às autoridades. Durante a segunda e a terceira ondas, o LEIAL estruturou um novo polo diagnóstico no Instituto, **processando um total de 102.039 amostras** suspeitas.

Na **epidemia de Influenza A/H3N2 ("Darwin")** em 2021, foram detectados os primeiros casos do Estado de São Paulo e, uma vez que o LEIAL já realizava a vigilância genômica de Influenza, foi responsável pelo depósito de **43% dos genomas brasileiros** no GISAID naquele ano.

Com relação à **vigilância genômica dos arbovírus**, o LEIAL obteve o primeiro conjunto de genomas de **Chikungunya virus** referentes ao surto de 2020-2021 no Estado de São Paulo. Além disso, já foram depositados por volta de 300 genomas do **vírus da dengue** entre 2020 e 2022, para realização de monitoramento do agente.

No início de 2022, o laboratório assumiu a rotina de RT-qPCR para a detecção de agentes causadores de **pneumonias bacterianas**, visando ao **aprimoramento das análises**, com a inclusão de novos agentes, assim como a prospecção por demanda reprimida de solicitações de unidades de saúde.

Por ser **referência para a Rede Nacional de Sequenciamento Genético** do Ministério da Saúde, o LEIAL **ministra treinamentos** nas diversas metodologias, como é o caso do LACEN do Amazonas, cujos colaboradores foram capacitados a sequenciar o SARS-CoV-2 pelo laboratório em 2022.

Considerando a necessidade de detecção de agentes biológicos com potencial uso em **bioterrorismo**, o LEIAL vem realizando a implantação de metodologias moleculares para a resposta a esses agentes. Já se encontram padronizados os ensaios para detecção de ***Bacillus anthracis* e *Yersinia pestis***, assim como das toxinas que venham a produzir.

No enfrentamento à **emergência da MPOX**, o LEIAL liberou os primeiros resultados do país, sendo responsável pelo processamento de **mais de 15.000 amostras** até novembro de 2022. Implantou, ainda, o sequenciamento do genoma completo do vírus por metodologia metagenômica, além de ter desenvolvido e adaptado protocolo para sequenciamento por **amplicons**, monitorando a circulação do vírus do ponto de vista genômico.

Por fim, a equipe do Laboratório Estratégico realizou a divulgação de diversos achados, participando da publicação de **mais de 20 artigos em revistas científicas**, além de informes epidemiológicos vitais para a atuação das autoridades sanitárias em todo o país.



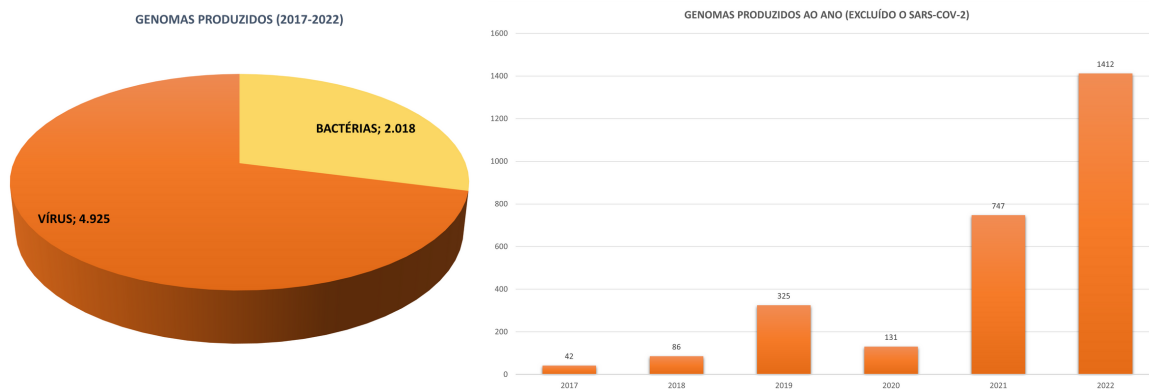
O LABORATÓRIO ESTRATÉGICO NA MÍDIA

Em virtude das informações produzidas pelo LEIAL serem altamente relevantes à vigilância das doenças infecciosas, muitas de suas ações foram divulgadas pela mídia nos últimos anos, ajudando a informar à população sobre as doenças em circulação no país. Alguns exemplos de matérias são apresentados a seguir.

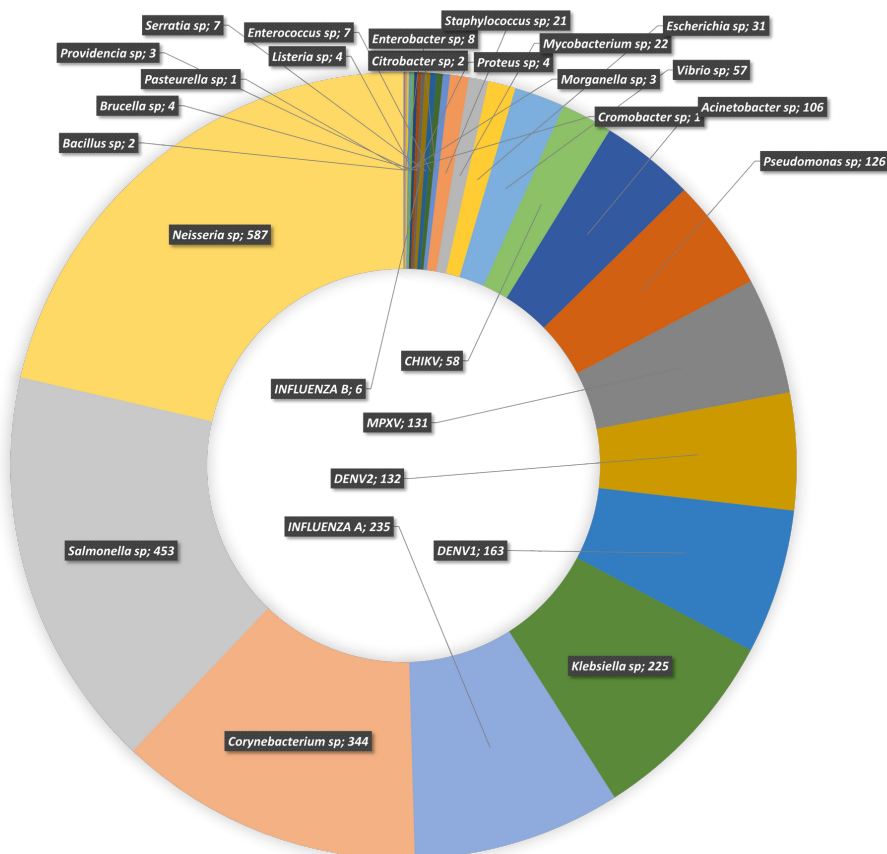


SEQUENCIAMENTO DO GENOMA COMPLETO

A obtenção de **genomas de agentes infecciosos** é de suma importância não apenas para o conhecimento de variantes circulantes, mas também para a definição de perfis de resistência a medicamentos, produção de vacinas, entre diversas outras análises. Desde sua criação, o LEIAL já realizou, seja para vigilância ou pesquisa científica, o sequenciamento do genoma completo de **quase 7.000 bactérias e vírus** de interesse à saúde pública, e tem produzido cada vez mais, como observado nos gráficos a seguir.



Excetuando-se o SARS-CoV-2, agente do qual o LEIAL já depositou 4.200 genomas na plataforma GISAID, já foram produzidos pelo laboratório **2.743 genomas completos de 28 agentes distintos**, conforme especificado na figura abaixo:

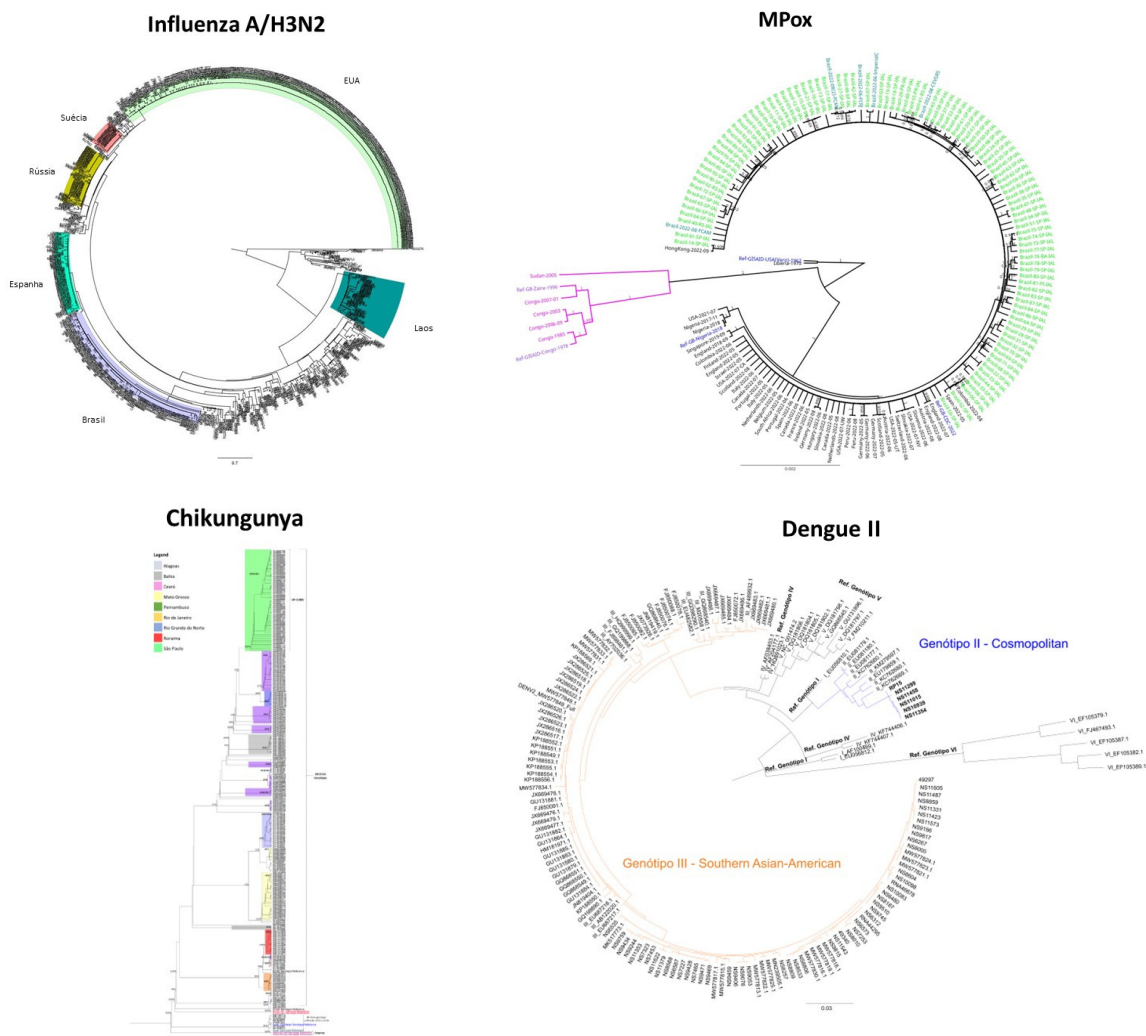


A VIGILÂNCIA GENÔMICA NO ESTADO DE SÃO PAULO

A vigilância genômica é o processo contínuo de **monitoramento dos patógenos**, mediante análise de suas características genéticas com o uso de técnicas de biologia molecular, como o sequenciamento. Este processo, do ponto de vista epidemiológico, auxilia os serviços de saúde pública a monitorar a evolução de agentes causadores de doenças infecciosas, alertar sobre a disseminação dos patógenos, adaptar intervenções e realizar recomendações à população e desenvolver ou adaptar **medidas de controle** para mitigar ou interromper a propagação de doenças.

O Laboratório Estratégico é o **responsável pela vigilância genômica** dos patógenos de interesse à saúde pública no IAL, mediante a pactuação entre o Centro de Respostas Rápidas, a Diretoria do Instituto e o Centro de Vigilância Epidemiológica quanto aos agentes a serem monitorados. A seleção dos patógenos, assim como das amostras a serem sequenciadas, deve seguir **critérios clínico-epidemiológicos** que garantam sua relevância para a efetividade da vigilância genômica.

Dentre os agentes monitorados, destacam-se os **vírus da influenza, da dengue, da febre chikungunya e da mpox**, que vêm sendo sequenciados para o estabelecimento de filogenias visando à observação de características genéticas que possam **levar à alteração do perfil das doenças**, além da introdução de novos clones. A seguir são apresentados alguns exemplos de árvores filogenéticas produzidas pelo LEIAL para subsidiar análises epidemiológicas.

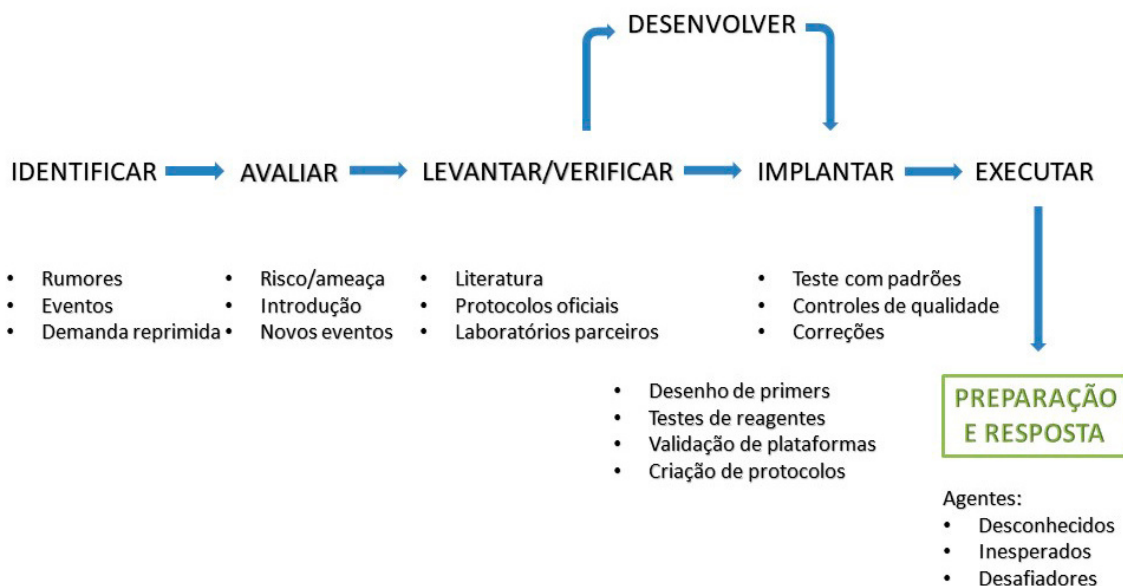


O LEIAL E A ESTRATÉGIA DE RESPOSTA RÁPIDA

A **pandemia da COVID-19** trouxe desafios nunca antes enfrentados pelo Instituto Adolfo Lutz. Apesar de não ser um laboratório clínico, ou seja, não ser responsável pela testagem da população para fins de assistência, o IAL, **Laboratório Central de Saúde Pública** do Estado de São Paulo (LACEN/SP), possui a atribuição de fornecer a **primeira resposta diagnóstica** a agentes novos ou recém-introduzidos no território, atuando como referência, no intuito de permitir a organização de outros laboratórios para o enfrentamento a esses agentes, para então monitorar sua circulação, supervisionar a rede laboratorial e produzir informações vitais para a vigilância epidemiológica.

Para que o Instituto pudesse proceder à resposta necessária a novos eventos de saúde pública, durante a pandemia, foi elaborada uma **Estratégia de Resposta Rápida** voltada à detecção e à caracterização molecular de agentes infecciosos com potencial epidêmico. Para isso, o LEIAL passou a integrar o CRR, e foi reestruturado para atuar em novas emergências, com foco na **escalabilidade de processamento** das amostras.

Inicialmente, foi necessária a expansão da área do laboratório, aliada ao **reforço do parque tecnológico**, com a obtenção, principalmente, de plataformas automatizadas para processamento de amostras, que permitiriam escalar a produção, possibilitando o aumento gradual do processamento a partir de demandas crescentes. Além disso, estabeleceu-se uma **nova lógica de atuação**, baseada na identificação de riscos por rumores, eventos externos ou demanda reprimida, o que permitiria ao LEIAL se adiantar à chegada de novos agentes para fornecer uma resposta efetiva, como exemplificado na figura a seguir.



Finalmente, para que a estratégia se tornasse exequível, foi necessária a criação e a manutenção de um **estoque estratégico de materiais** como kits, reagentes e descartáveis, o que permite a pronta resposta com **mínima dependência de novas aquisições**, sendo possível iniciar o enfrentamento laboratorial a novas emergências de maneira imediata.

A EMERGÊNCIA DA MPOX: 1º TESTE DA ESTRATÉGIA

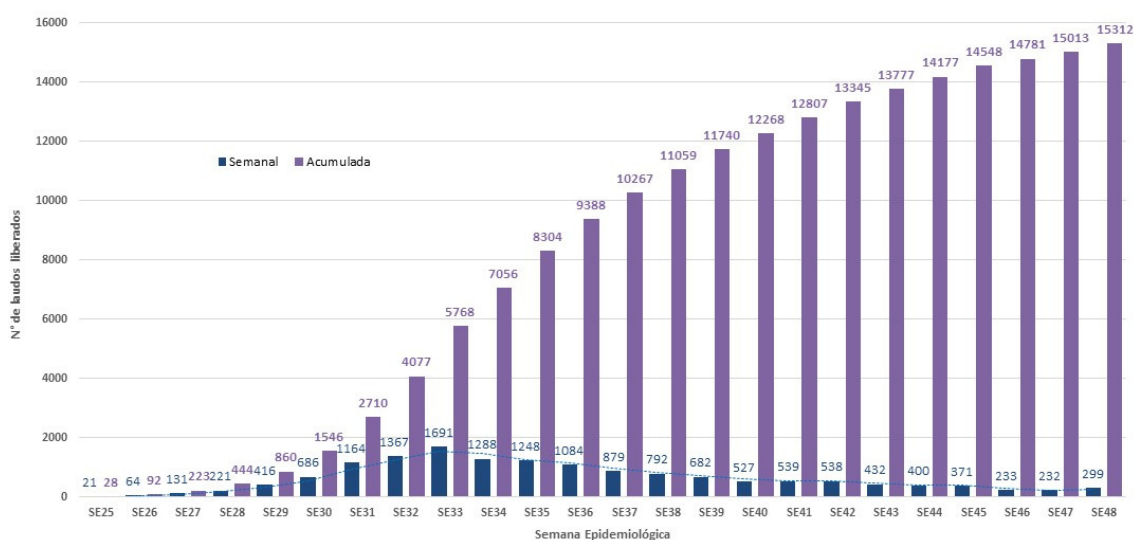
Quando observado, ainda na Europa, o surto de MPOX de 2022, iniciou-se a **preparação do LEIAL** para o eventual processamento de amostras de casos suspeitos em território nacional. Foi realizado contato com o *Centers for Disease Control and Prevention (CDC)*, via escritório da América do Sul, que prontamente forneceu os protocolos atualizados das reações de RT-qPCR para que se pudesse implantar a metodologia de **detecção do DNA do MPXV**.

O LEIAL solicitou a **síntese de primers e sondas** de RT-qPCR após a análise do protocolo, porém os controles positivos não estavam disponíveis para o Brasil, e seriam enviados pela Organização Panamericana de Saúde (OPAS). No dia 7 de junho, entretanto, foi recebida do Instituto de Infectologia Emílio Ribas a **primeira amostra** com suspeita do agravo.

Considerando que o caso suspeito possuía características clínicas e epidemiológicas sugestivas para a MPOX e ainda não havia controle positivo disponível, o LEIAL iniciou o processamento da amostra por **metodologia de metagenômica**, confirmando o caso no dia 9 de junho de 2022 e depositando o **primeiro genoma brasileiro do MPXV na plataforma GISAID** sob o n° de acesso EPI_ISL_13191438. Após este caso, o LEIAL processou mais três amostras por metagenômica, duas de Santa Catarina e uma do Rio Grande do Sul.

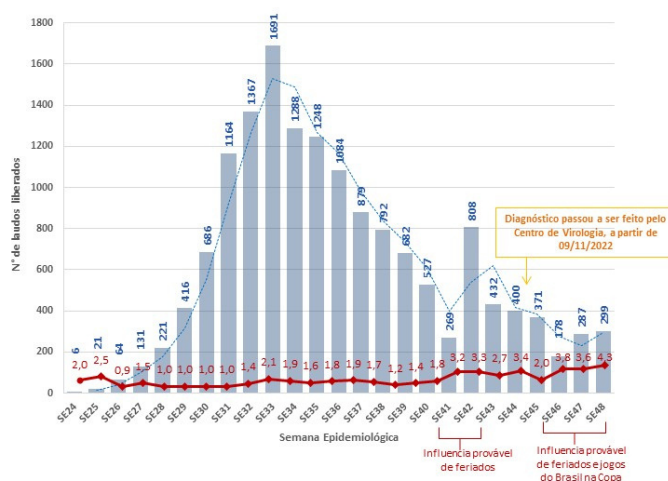
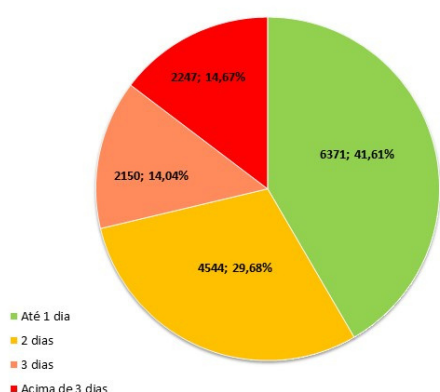
Com a chegada de controles positivos enviados pela OPAS, o LEIAL iniciou o processamento das amostras por RT-qPCR e manteve o sequenciamento por metagenômica de algumas amostras positivas para realização do **monitoramento genômico** do vírus. O laboratório rapidamente aprimorou as reações de detecção, criando reações duplexadas com controle endógeno humano. Além disso, foram validadas **metodologias automatizadas** de extração de ácidos nucléicos, visando à escalabilidade no processamento.

Até o dia 9 de novembro de 2022, data em que houve o repasse do diagnóstico da MPOX para o Centro de Virologia, em vista da diminuição da demanda proveniente de casos suspeitos da doença, o LEIAL **processou mais de 15.000 amostras** suspeitas, chegando a um pico de quase **1.700 reações** na semana epidemiológica 33, conforme pode ser observado no gráfico abaixo:

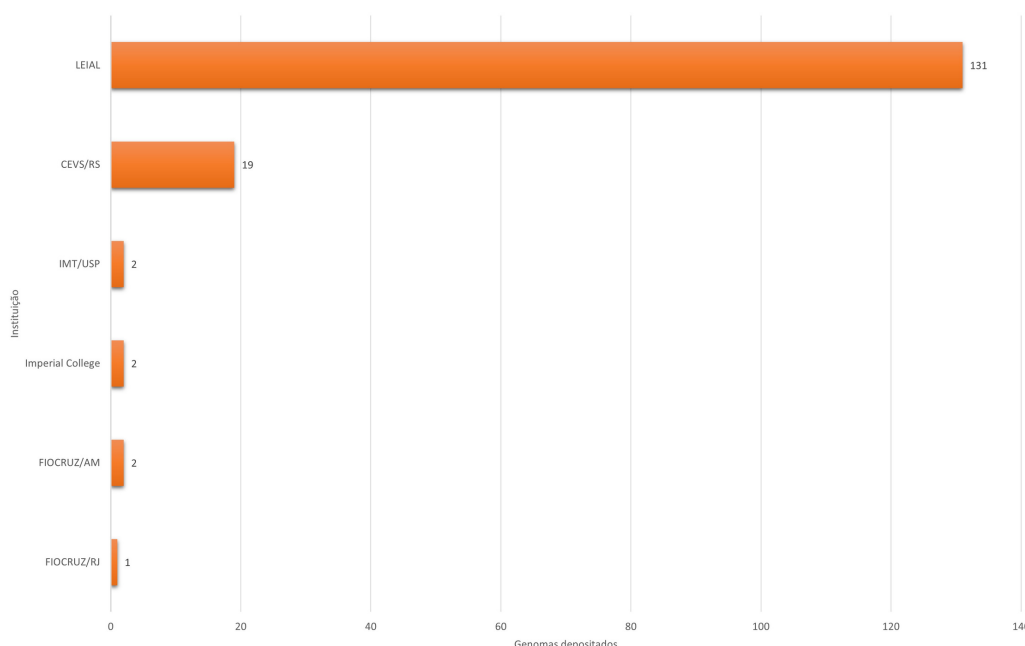


A EMERGÊNCIA DA MPOX: 1º TESTE DA ESTRATÉGIA

Para que a resposta à MPOX fosse efetiva do ponto de vista epidemiológico, era necessário que o **tempo de processamento** se mantivesse em patamares adequados para que possibilitasse às vigilâncias coordenar o controle da doença, com isolamento dos pacientes e rastreamento dos contatos. No intuito de atingir estes patamares, foi estabelecido que pelo menos **80% das amostras deveriam ser processadas em até três dias**, mantendo-se acima disso apenas as repetições, algumas vezes necessárias em virtude das características das amostras ou de problemas nas reações. Além disso, a média no tempo de resposta deveria ser mantida **abaixo dos três dias**, com exceção dos períodos de feriados ou pontos facultativos, o que é demonstrado nos gráficos a seguir.



Com relação ao **sequenciamento do genoma completo do MPXV**, o LEIAL desenvolveu e implantou metodologia com uso de *amplicons*, o que tornou o processo mais barato, além de possibilitar o processamento de mais amostras. Em 2022 o LEIAL realizou o depósito de 131 genomas do MPXV na plataforma GISAID, o que corresponde a **mais de 83% das sequências do país**, conforme se observa no gráfico a abaixo:



NECESSIDADES PRIORITÁRIAS DO LEIAL

Para que o Laboratório Estratégico pudesse realizar todas as ações nos últimos anos, foi de extrema importância a **priorização da unidade na administração institucional**, assim como o **reforço do parque tecnológico** e a manutenção de um estoque estratégico de materiais, possibilitando a atuação imediata quando demandado.

O **contato próximo com as vigilâncias** municipais, estaduais e federal, realizado pelo Centro de Respostas Rápidas, com a troca de informações laboratoriais e epidemiológicas para a obtenção de resultados relevantes do ponto de vista epidemiológico. O Centro, por possuir **autonomia técnico-administrativa transversal**, pôde, ainda, reforçar a equipe em momentos de crise, realocando colaboradores de outros laboratórios.

Apesar da sua reconhecida **produção técnico-científica**, o LEIAL ainda enfrenta gargalos que **impedem** o desenvolvimento e a implantação de metodologias com a celeridade necessária para **entregar respostas oportunas**.

Como necessidade mais urgente para as ações da área, destaca-se a **falta de colaboradores**, uma vez que o laboratório possui **somente quatro servidores** em seu quadro, que deve ser composto por funcionários de nível superior com capacitação técnica diferenciada, não apenas para a execução de procedimentos, mas que possam contribuir para a criação e o aprimoramento de metodologias.

Além disso, durante o enfrentamento da emergência da MPOX, foi possível observar que o laboratório não possui **espaço físico para o processamento inicial de amostras**, sendo necessária a utilização de salas do Núcleo de Coleção de Micro-organismos, que teve sua rotina suspensa por seis meses. Para que o LEIAL apresente estrutura mínima para operar a escalabilidade desejada, são necessárias pelo menos mais **duas salas de nível 2 em biossegurança**.

Finalmente, apesar da boa relação institucional com o CDC via escritório da América do Sul, o LEIAL atingiu um nível técnico no qual não são encontrados pares em território nacional para a troca de informações, protocolos e experiências, visando à **ajuda mútua** em caso eventuais de riscos ou ameaças à saúde pública no Brasil, portanto são necessários **laboratórios parceiros** que possam servir como referências técnicas para a atuação da unidade.



REPORTS SELECCIONADOS



INSTITUTO ADOLFO LUTZ

VIGILÂNCIA GENÔMICA

JAN 2020



Onde estamos?

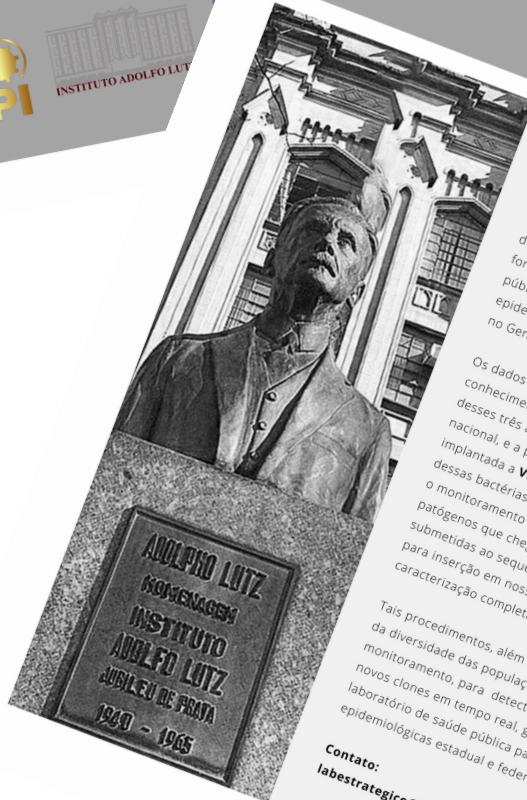
METODOLOGIA IMPLANTADA

Durante o ano de 2019, o **Laboratório Estratégico - LEIAL**, em colaboração com os pesquisadores do **Centro de Bacteriologia - CB** sequenciou o genoma completo de 34 exemplares de *Salmonella* Typhi, 53 exemplares de *Vibrio cholerae* do Estado de São Paulo e 299 exemplares de *Neisseria meningitidis* de todo o Brasil. Esses agentes foram escolhidos em virtude de sua importância em saúde pública, como o seu potencial em causar surtos e epidemias. As 386 sequências foram, então, depositadas no GenBank.

Os dados gerados até este momento nos trouxeram o conhecimento em nível genômico dos clones circulantes desses três agentes, tanto em nível estadual, quanto nacional, e a partir de Janeiro deste ano encontra-se implantada a **Vigilância Genômica em Tempo Real** dessas bactérias no Instituto Adolfo Lutz, para que ocorra o monitoramento em tempo real, todas as cepas desses patógenos que chegarem ao Instituto serão imediatamente submetidas ao sequenciamento de seu genoma completo para inserção em nosso banco de dados, visando sua caracterização completa.

Tais procedimentos, além de melhorarem o conhecimento da diversidade das populações bacterianas, possibilita seu monitoramento, para detectar possíveis emergências de novos clones em tempo real, garantindo a prontidão do laboratório de saúde pública para as vigilâncias epidemiológicas estadual e federal.

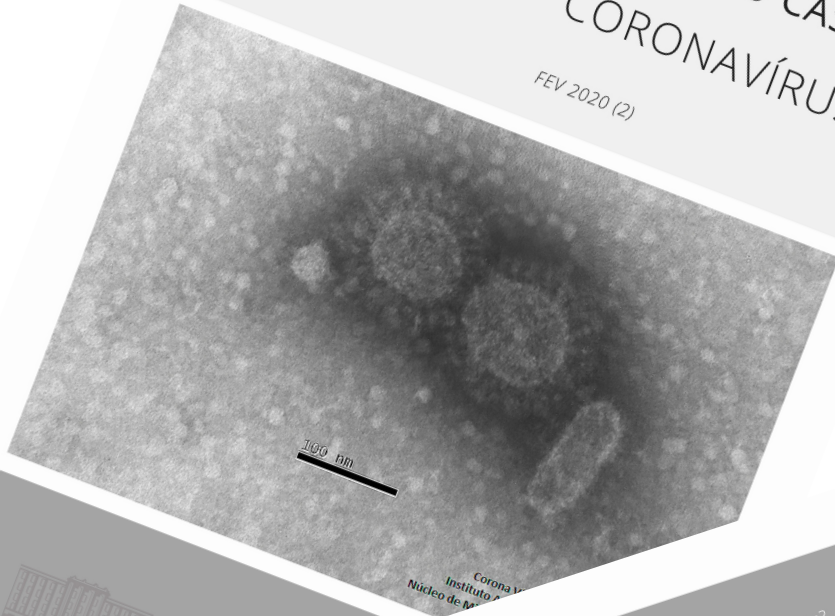
Contato:
labestrategico@ial.sp.gov.br - (11) 3068-2985



INSTITUTO ADOLFO LUTZ

PRIMEIRO CASO CORONAVÍRUS

FEV 2020 (2)



Onde estamos?

GENOMA SEQUENCIADO

Genoma do SARS-CoV-2 do primeiro caso de COVID-19 da América Latina sequenciado em 48 horas pelo Instituto Adolfo Lutz

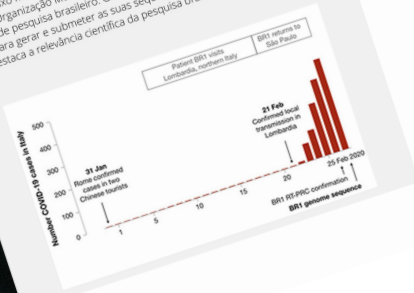
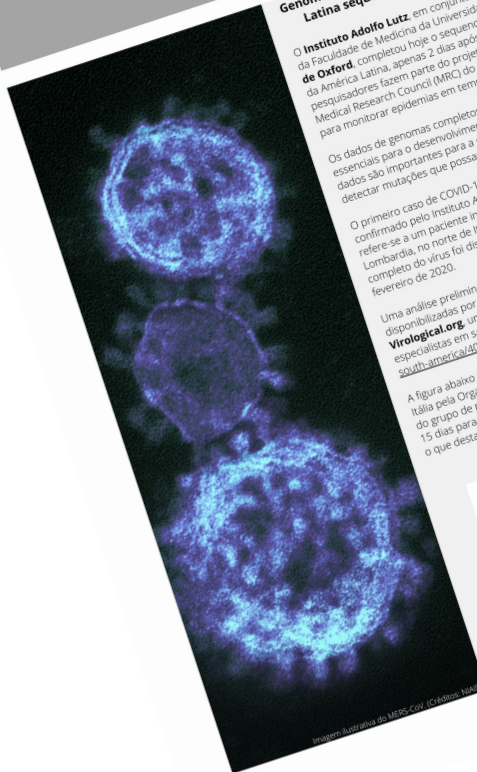
O Instituto Adolfo Lutz, em conjunto com o Instituto de Medicina Tropical da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo e com a Universidade de Oxford, completou hoje o sequenciamento do primeiro caso de coronavírus da América Latina, apenas 2 dias após o caso ter sido confirmado. Os pesquisadores fazem parte do projeto CADDE, que tem apoio da FAPESP e do Medical Research Council (MRC) do Reino Unido, e desenvolve novas técnicas para monitorar epidemias em tempo real.

Os dados de genomas completos do SARS-CoV-2 dos casos de COVID-19 são essenciais para o desenvolvimento de vacinas e de testes diagnósticos. Esses dados são importantes para a compreensão da dispersão do vírus e para detectar mutações que possam alterar a evolução da doença.

O primeiro caso de COVID-19 no Brasil (BR1) teve o diagnóstico molecular confirmado pelo Instituto Adolfo Lutz no dia 26 de fevereiro de 2020. O caso refere-se a um paciente infectado com o vírus durante uma visita à região de Lombardia, no norte de Itália, entre os dias 9 e 21 deste mês. O genoma completo do vírus foi disponibilizado à comunidade científica no dia 28 de fevereiro de 2020.

Uma análise preliminar da nova sequência, em conjunto com dados disponibilizados por outros pesquisadores, encontra-se disponível no **virological.org**, um fórum de discussão para virologistas, epidemiologistas e especialistas em saúde pública: <http://virological.org/first-report-of-covid-19-in-south-america/492>

A figura abaixo mostra o número oficial de casos de COVID-19 confirmados na Itália pela Organização Mundial de Saúde (OMS), e mostra a rapidez da resposta do grupo de pesquisa brasileiro. Grupos internacionais têm demorado em média 15 dias para gerar e submeter as suas sequências relativas a casos de COVID-19, o que destaca a relevância científica da pesquisa brasileira.



INSTITUTO ADOLFO LUTZ

VÍRUS DA FEBRE CHIKUNGUNYA

JAN 2022

@IALutz



CCD
Coordenador
Comunidade



Onde estamos? MONITORAMENTO GENÔMICO

Sequenciamento completo permite entender a circulação do vírus no Estado de São Paulo

O Laboratório Estratégico do Instituto Adolfo Lutz realiza, desde 2020, o monitoramento genômico do vírus da febre chikungunya no Estado de São Paulo. Este surto teve início no final de 2020 e perdurou até quase a metade de 2021. As amostras sequenciadas pelo Laboratório Estratégico em parceria com o Centro de Virologia estão representadas como pontos azuis na curva epidemiológica abaixo.



No estudo, foram obtidos **53 genomas completos** do vírus, que foram classificados, após análise filogenética, em um **clado distinto** das anteriormente notificadas pela comunidade científica no Brasil. Nenhuma das mutações associadas com o aumento da transmissão no mosquito *Aedes albopictus*, A226V (proteína E1) e L210Q (proteína E2), foi encontrada.

O artigo foi publicado online no periódico **Journal of Clinical Virology Plus** no último dia 27, e de acesso aberto e pode ser consultado no endereço:
<https://doi.org/10.1016/j.jcvipl.2022.100070>



INSTITUTO ADOLFO LUTZ

SARS-COV-2 VARIANTE ÔMICRON

JAN 2022 (1)



CVE
Centro de Vigilância Epidemiológica
"Prof. Alexandre Viana"



Onde estamos?

OCORRÊNCIA DA VARIANTE

Sequências da Variante Ômicron correspondem a mais de 90% das amostras no Estado de São Paulo

Em 24 de novembro de 2021, a Organização Mundial da Saúde (OMS) relatou uma nova variante do vírus SARS-CoV-2, causador da Covid-19, A linhagem B.1.1.529 e suas derivadas Ômicron. Detectada pela primeira vez em Botswana e na África do Sul, a variante Ômicron foi classificada pela OMS como **Variante de Preocupação**, devido ao seu maior potencial de transmissão.

Dentre as amostras coletadas no mês de dezembro de 2021 no Estado de São Paulo, foi realizado o sequenciamento de milhares de espécimes do vírus por diversas instituições como o **Instituto Adolfo Lutz** (SES/CCT/IAL) e o **Instituto Butantan** (SES/CCT/IES/IB), o que possibilita a detecção rápida e o monitoramento das variantes.

De acordo com a legislação do Estado de São Paulo, em especial a Resolução SS-28, de 11 de fevereiro de 2021, os laboratórios que identificam, pelo sequenciamento, exemplares de variantes de preocupação ou de atenção devem obrigatoriamente notificar tais casos detectados ao **Centro de Vigilância Epidemiológica** (SES/CCT/CVE), que os contabiliza, caracteriza, completa e coordena as investigações a serem realizadas pelas vigilâncias epidemiológicas regionais e municipais.

Considerando as sequências depositadas no banco **GENBANK** referentes às amostras coletadas entre os dias 22/12/2021 e 04/01/2022, foi possível observar que mais de 90% se tratam da variante Ômicron no Estado, o que exige investigações epidemiológicas mais profundas para confirmação. Por fim, a partir dos casos notificados ao CVE, verificou-se que a Ômicron pôde ser detectada em amostras de 15 (quinze) das 17 (dezoito) regiões dos **Departamentos Regionais de Saúde** (SES/CRS/DRS), não sendo identificada sua ocorrência até o momento nas DRS V e XII (Barretos e Registro, respectivamente).



O SARS-CoV-2 no Estado de São Paulo VARIANTE ÔMICRON

OCORRÊNCIA NO TERRITÓRIO

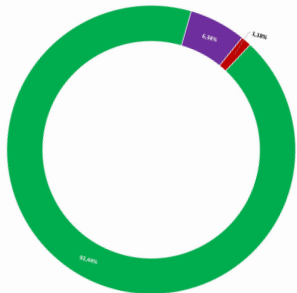
Foram consideradas para o panorama a seguir os casos notificados ao CVE desde a primeira detecção da variante ômicron no Estado.



● Detecção da Var. Ômicron

PERCENTUAL DE DETECÇÃO

Foram obtidos dados a partir das sequências completas e GENBANK com coletas entre 22/12/2021 e 04/01/2022 (n=847).



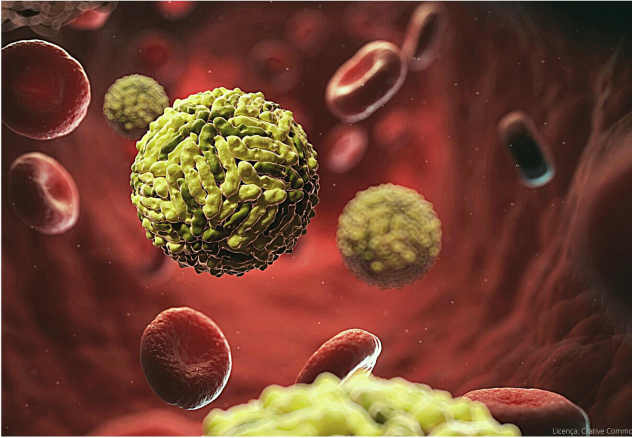
● Ômicron ● Gamma ● Delta



VÍRUS DA DENGUE SOROTIPO 1

MAI 2022

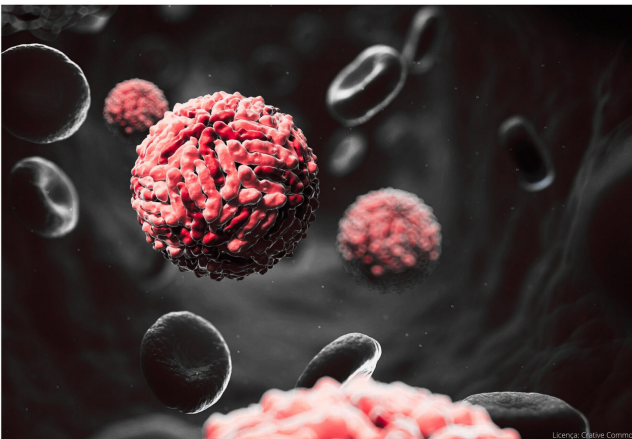
@IALutz



VÍRUS DA DENGUE SOROTIPO 2

MAI 2022

@IALutz



Onde estamos?

MONITORAMENTO GENÔMICO

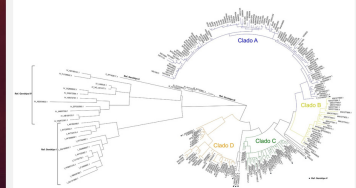
Sequenciamento do vírus nos últimos três anos permitiu observar circulação do genótipo V em São Paulo

O **Laboratório Estratégico** do Instituto Adolfo Lutz realiza o sequenciamento de amostras positivas para o vírus da dengue detectadas pelo **Núcleo de Doenças de Transmissão Vetorial**, para fins de vigilância das arboviroses no Estado de São Paulo.

Foram sequenciadas até o momento 95 amostras de **Dengue 1**, sorotipo responsável por **mais de 95% dos casos** este ano, com datas de coleta de 2020 até 2022, para a obtenção de **panorama de circulação** deste sorotipo em território paulista.

Todas as sequências obtidas até agora foram classificadas como integrantes do **genótipo V**, o mais prevalente nas Américas nos últimos anos. Foram realizadas análises preliminares com uma comparação desses dados aos genomas disponíveis na plataforma **NCBI/GenBank** entre 2008 e 2022, e foi possível observar que no Brasil os exemplares podem ser agrupados em quatro subclados. As sequências do Estado de São Paulo foram classificadas em três deles (A, B e D), nenhum exclusivo das amostras paulistas, sendo sua maioria representantes do **Clado A**, conforme demonstrado na árvore filogenética abaixo.

BRASIL - Dengue 1, Genótipo V (2008-2022)



Onde estamos?

MONITORAMENTO GENÔMICO

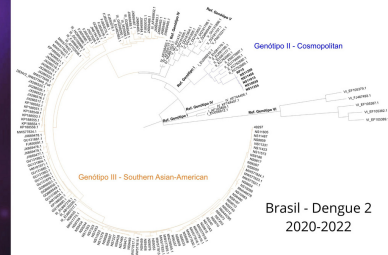
Instituto Adolfo Lutz confirma circulação do genótipo Cosmopolitan no Estado de São Paulo

O **Laboratório Estratégico** do Instituto Adolfo Lutz, responsável pelas ações laboratoriais de vigilância genômica no Estado de São Paulo, detectou **seis amostras** do sorotipo 2 do vírus da dengue, classificadas como do **genótipo Cosmopolitan**, dentre os casos sequenciados para o monitoramento das arboviroses, processados por RT-PCR pelo **Núcleo de Doenças de Transmissão Vetorial** e pelo **Centro de Laboratório Regional de Ribeirão Preto**.

O genótipo Cosmopolitan apresenta a **maior distribuição geográfica** do sorotipo 2 no mundo, e foi detectado pela primeira vez no Brasil pelo LACEN do Estado de Goiás, conforme [divulgação no início deste mês](#).

A **vigilância genômica** de arboviroses no país é **imprescindível** para que se possa observar capacidade de adaptação dos agentes aos vetores e ao ambiente, assim como correlacionar os dados obtidos às eventuais mudanças na dinâmica da doença.

As análises referentes aos genótipos de do sorotipo 2 do vírus da dengue, sequenciados no Brasil entre 2020 e 2022, podem ser observadas na árvore filogenética a seguir.



Brasil - Dengue 2
2020-2022

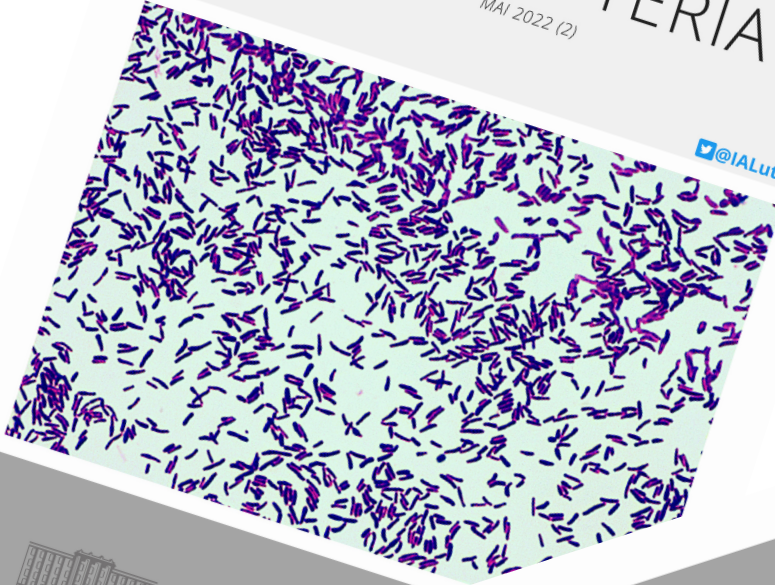


INSTITUTO ADOLFO LUTZ

VIGILÂNCIA DA DIFTERIA

MAI 2022 (2)

@IALutz



CCD
Coordenadoria de Controle de Doenças



Onde estamos?

CONHECIMENTO GENÔMICO

Instituto Adolfo Lutz obtém os primeiros resultados de estudo genômico com isolados bacterianos de quase 5 décadas

O Núcleo de Meningites, Pneumonias e Infecções Pneumocócicas em parceria com o Laboratório Estratégico do Instituto Adolfo Lutz, tem realizado um estudo genômico para caracterizar isolados de *Corynebacterium diphtheriae*, bactéria causadora da difteria, com o uso do sequenciamento do genoma completo (WGS) obtidos a partir de 1974 no Estado de São Paulo.

A relação entre os isolados foi avaliada pela análise de SNPs, utilizando a plataforma **CSI Phylogeny**. Esta análise apresentou perfeita concordância com os grupos definidos por Multilocus Sequence Typing (**MLST**), sendo mais discriminatória.

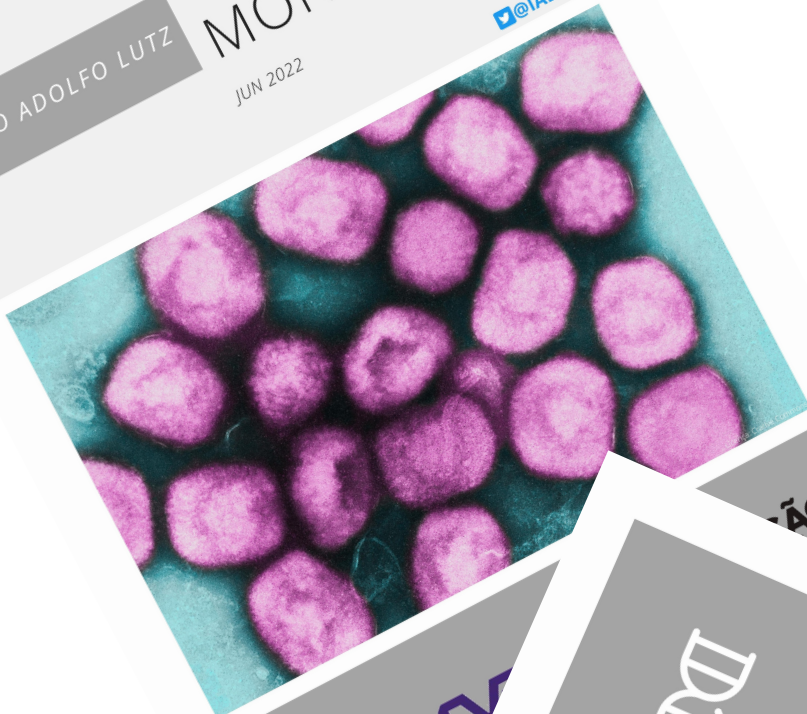
De um total de 400 amostras que serão analisadas até o final do estudo, 133 já foram sequenciadas e classificadas filogeneticamente. Já foi possível observar que, dos 20 tipos característicos de SP, 8 foram mais prevalentes (representando 77% do total), sendo que o **tipo A (MLST-174)** constituiu **29% dos casos sequenciados**, conforme pode ser observado na árvore filogenética a seguir.



INSTITUTO ADOLFO LUTZ

PRIMEIRO CASO MONKEYPOX

JUN 2022



Centro de Vigilância
Epidemiológica



Onde estamos?

MONITORAMENTO GENÔMICO

Instituto Adolfo Lutz confirma primeiro caso de monkeypox no país por metodologia de metagenômica

O **Laboratório Estratégico** do Instituto Adolfo Lutz, unidade de resposta rápida especializada na utilização de metodologias avançadas em biologia molecular para a elucidação de eventos em saúde pública, depositou a **primeira sequência do genoma completo do Monkeypox vírus do Brasil**, obtida com a utilização da metodologia de metagenômica.

A estratégia foi utilizada em virtude de não estarem disponíveis para o Brasil os controles positivos para as reações de RT-PCR visando à detecção do vírus, e a técnica foi executada em paralelo à análise para detecção do material genético da varicela, um diagnóstico diferencial para exclusão de casos da doença.

A sequência depositada no banco de dados GISAID sob o nº EPI_ISL_13191438 possui cobertura de **quase 100% do genoma do vírus**, e permitirá a realização de estudos para estabelecer os caminhos da doença no mundo, assim como a observação da evolução genética do agente.

O caso é um homem de 41 anos, residente do Município de São Paulo, com histórico de viagem para a Portugal e Espanha, e se encontra internado no **Instituto de Infectologia Emílio Ribas** em bom estado clínico. Todos os contatos do paciente estão sendo monitorados pelas equipes de vigilância.

O **Centro de Vigilância Epidemiológica (CVE)** estadual e a **prefeitura de São Paulo** também investigam desde a semana passada um outro paciente, uma mulher de 26 anos, também moradora da Capital.





LABORATÓRIO ESTRATÉGICO

Instituto Adolfo Lutz
Av. Dr. Arnaldo, 355
Cerqueira Cesar, São Paulo/SP
01246-902

EQUIPE LEIAL

Karoline Campos Rodrigues
Marlon Benedito Nascimento Santos
Claudia Regina Gonçalves
Ariadne Ferreira Amarante

RESPONSÁVEL PELO LEIAL

Claudio Tavares Sacchi

DIRETOR DO CENTRO DE RESPOSTAS RÁPIDAS

Adriano Abbud

DIRETORA GERAL

Adriana Bugno

Dezembro de 2022

