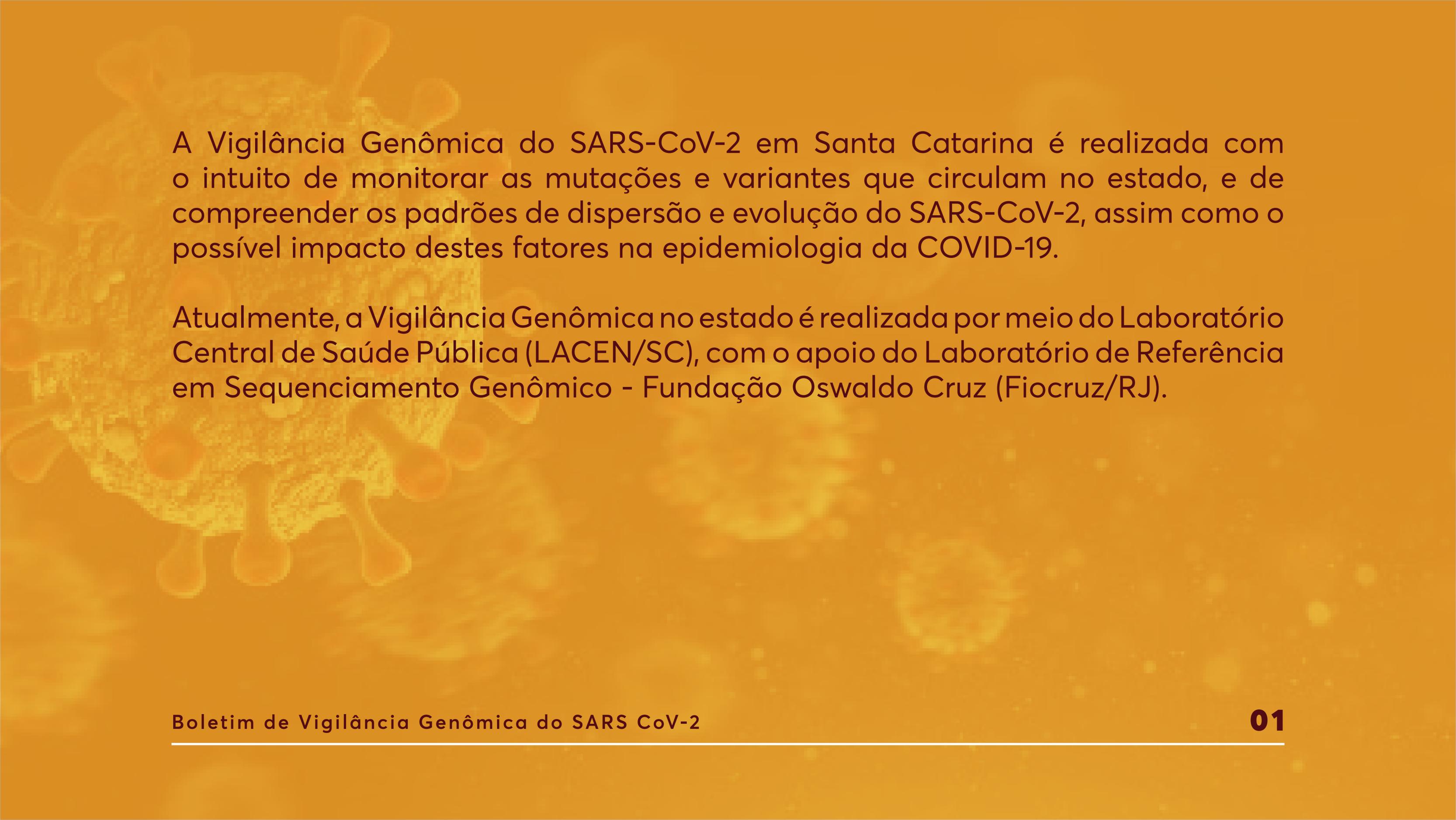




GOVERNO DE
SANTA CATARINA
SECRETARIA DA SAÚDE

BOLETIM DE VIGILÂNCIA GENÔMICA DO **SARS CoV-2**

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA Nº 02/2023
ATUALIZADO EM 15/02/2023



A Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 em Santa Catarina é realizada com o intuito de monitorar as mutações e variantes que circulam no estado, e de compreender os padrões de dispersão e evolução do SARS-CoV-2, assim como o possível impacto destes fatores na epidemiologia da COVID-19.

Atualmente, a Vigilância Genômica no estado é realizada por meio do Laboratório Central de Saúde Pública (LACEN/SC), com o apoio do Laboratório de Referência em Sequenciamento Genômico - Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz/RJ).

Quando uma variante carrega mutações importantes, com potencial de mudar seu comportamento, ela é denominada como “variante de interesse” (VOI – do inglês Variant of Interest). Quando é identificada uma ameaça à saúde pública ou a contenção do vírus, denomina-se de “variante de preocupação” (VOC - do inglês Variants of Concern). Na **Tabela 01** são apresentadas as VOCs circulando atualmente no mundo, segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS).

Tabela 01: Variantes de preocupação (VOC) sob monitoramento segundo a Organização Mundial da Saúde.

RÓTULO OMS	LINHAGEM PANGO	CLADO NEXTSTRAIN	PRIMEIRA DOCUMENTAÇÃO
Ômicron*	B.1.1.529	21K, 21L, 21M	Em vários países
		22A, 22B, 22C, 22D	Novembro de 2021

*Inclui BA.1, BA.2, BA.3, BA.4, BA.5 e linhagens descendentes. Também inclui formas recombinantes circulantes BA.1/BA.2, como XE e XAG. A OMS enfatiza que essas linhagens descendentes devem ser monitoradas como linhagens distintas pelas autoridades de saúde pública e avaliações comparativas de suas características de vírus devem ser realizadas.

Fonte: Adaptado da OMS, disponível em: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>

Ômicron é atualmente a variante dominante circulando globalmente, respondendo por mais de 98% das sequências virais compartilhadas no GISAID após fevereiro de 2022. Como a transmissão dessa VOC foi mantida, isso levou a uma evolução intra-VOC significativa. Desde a sua designação como VOC pela OMS em 26 de novembro de 2021, os vírus que fazem parte do complexo Ômicron continuaram a evoluir, levando a linhagens descendentes com diferentes agrupamentos de mutações genéticas. Cada agrupamento de mutação pode ou não diferir no risco à saúde pública.

A OMS adicionou uma nova categoria ao seu sistema de rastreamento de variantes, denominada "subvariantes Ômicron sob monitoramento" para sinalizar às autoridades de saúde pública mundial, quais sublinhagens VOC podem exigir atenção e monitoramento prioritários. O principal objetivo desta categoria é investigar se essas linhagens podem representar uma ameaça adicional à saúde pública global em comparação com outros vírus circulantes (**Tabela 02**).

Tabela 02: Subvariantes Ômicron sob monitoramento.

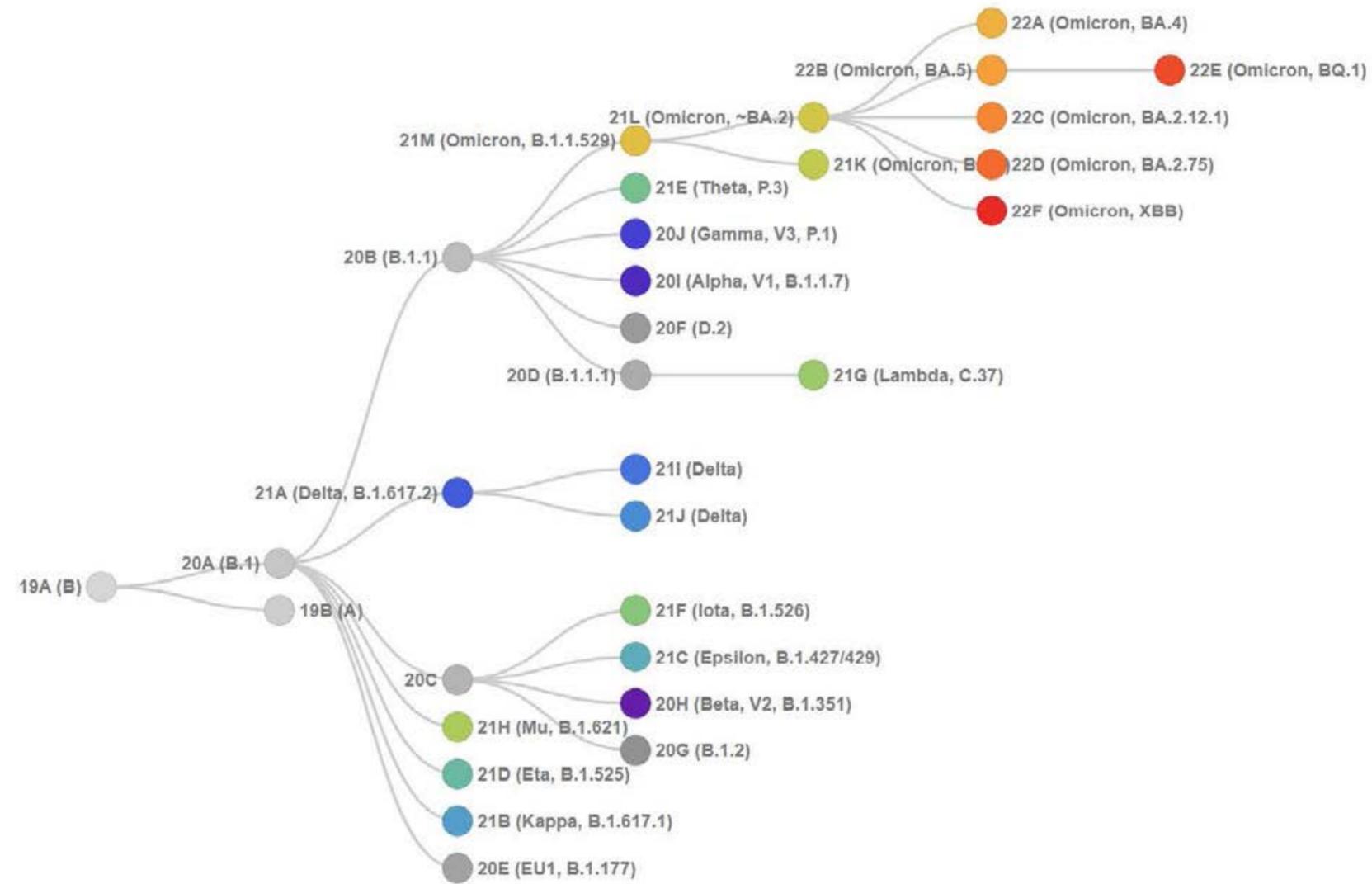
RÓTULO OMS	LINHAGEM PANGO	CLADO NEXTSTRAIN	PRIMEIRA DOCUMENTAÇÃO
Ômicron	BF.7	22B	24/01/2022
	BQ.1	22E	07/02/2022
	BA.2.75	22D	31/12/2021
	XBB	22F	13/08/2022

Fonte: Adaptado da OMS, disponível em: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>

A variante Ômicron é de grande preocupação para a saúde pública, uma vez que carrega várias mutações que também foram encontradas em outros VOCs e que foram associadas ao aumento da infectividade e maior capacidade de evadir o sistema imunológico.

A análise filogenética das sequências globais do SARS-CoV-2 não revelou nenhuma sequência intermediária próxima entre a Ômicron e seus parentes mais próximos, portanto, o caminho para seu surgimento não é claro. A análise evolutiva não revelou nenhum perfil mutacional especial ou evento de mudança de quadro que pudesse sugerir que ele descende das variantes já conhecidas Alfa, Beta, Delta ou Gama (**Figura 01**).

FIGURA 01: Ilustração das relações filogenéticas dos clados SARS-CoV-2, conforme definido por Nextstrain.



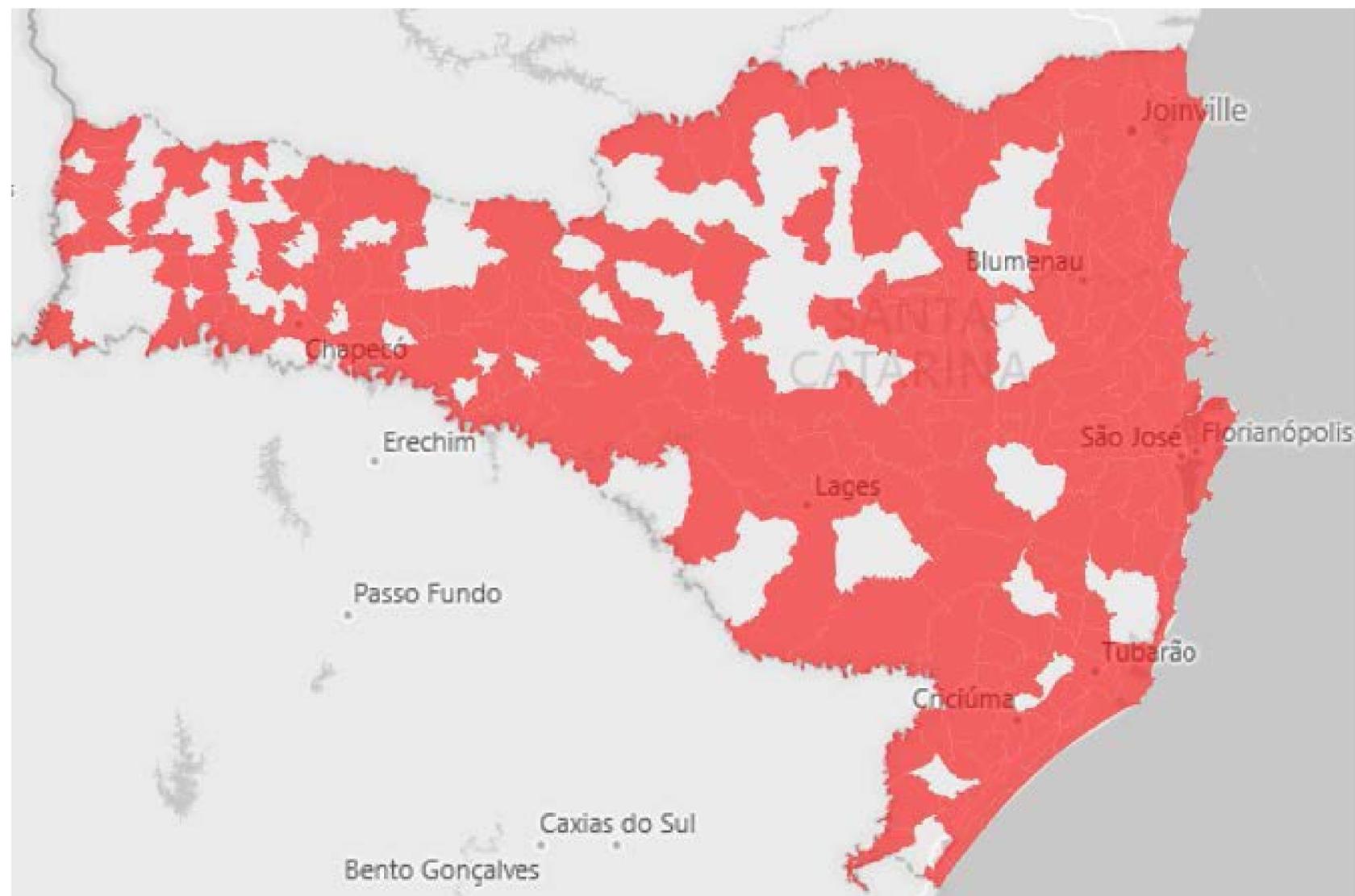
Fonte: Nextstrain (<https://clades.nextstrain.org/>).

Neste boletim, são apresentados os resultados dos sequenciamentos de genomas completos do SARS-CoV-2 realizados pelos laboratórios que compõem a Rede Estadual de Vigilância Genômica, até a Semana Epidemiológica (SE) 02 de 2023. Além disso, são inseridas neste boletim as atualizações de sequenciamento de amostras de SARS-CoV-2 originárias de pacientes do estado de Santa Catarina que foram submetidas no GISAID (<https://www.gisaid.org/>), analisadas por outras instituições.

Os dados deste relatório não são necessariamente representativos. Pode ocorrer viés de seleção com a inclusão de investigação genômica de casos inusitados, rastreamento de contatos e amostras aleatórias.

Durante o período de 2020 a 2023 foram sequenciados 9024 genomas completos do SARS-CoV-2 detectável por RT-qPCR, sendo 157 tipos de variantes e sublinhagens diferentes encontradas no estado. A amostragem compreende pacientes residentes em 234 municípios do Estado. A cobertura de municípios contemplados pela Vigilância Genômica está demonstrada na **Figura 02**.

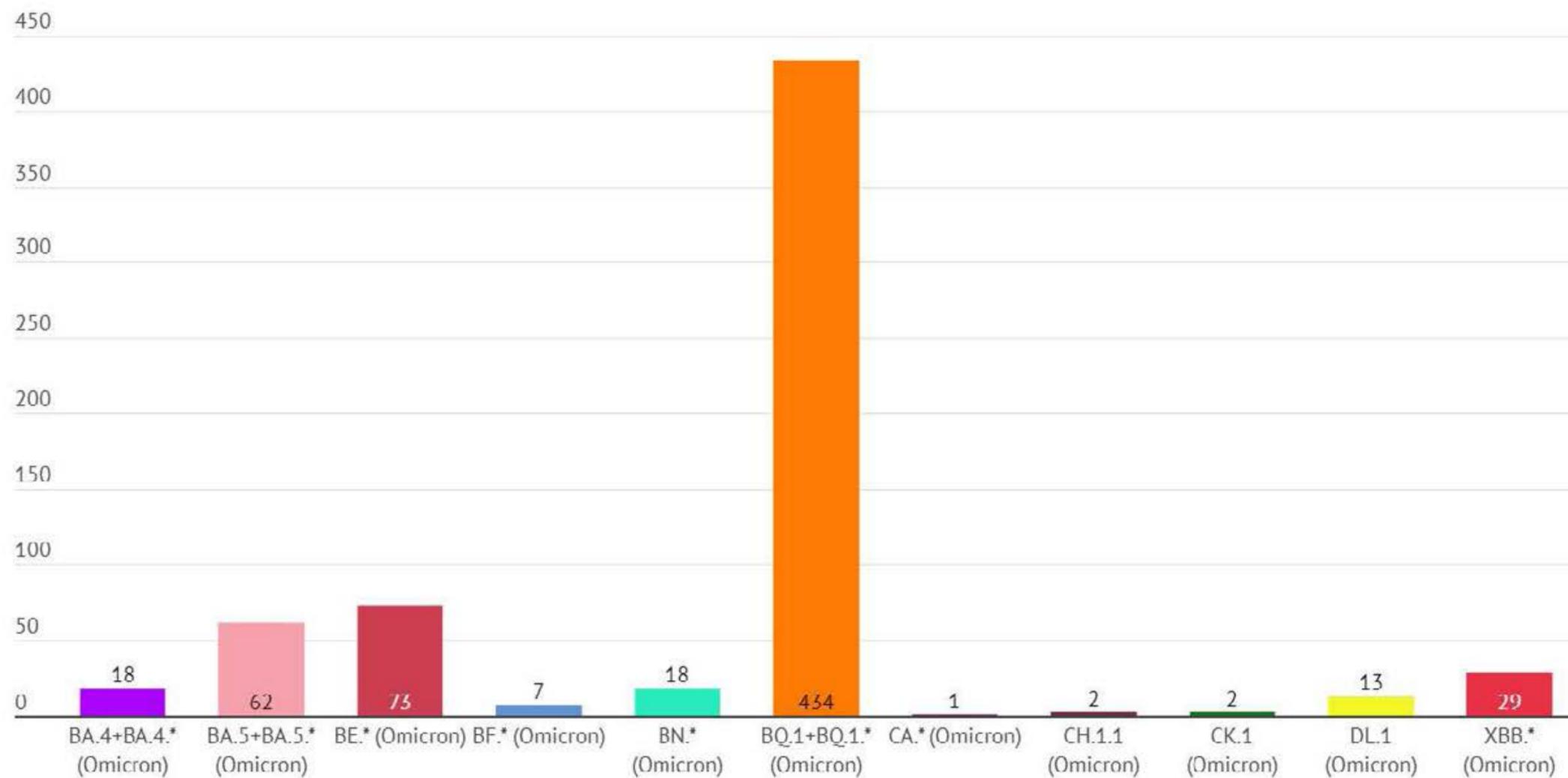
FIGURA 02: Mapa de cobertura de Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 em Santa Catarina no período de 2020 a 2023.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC.

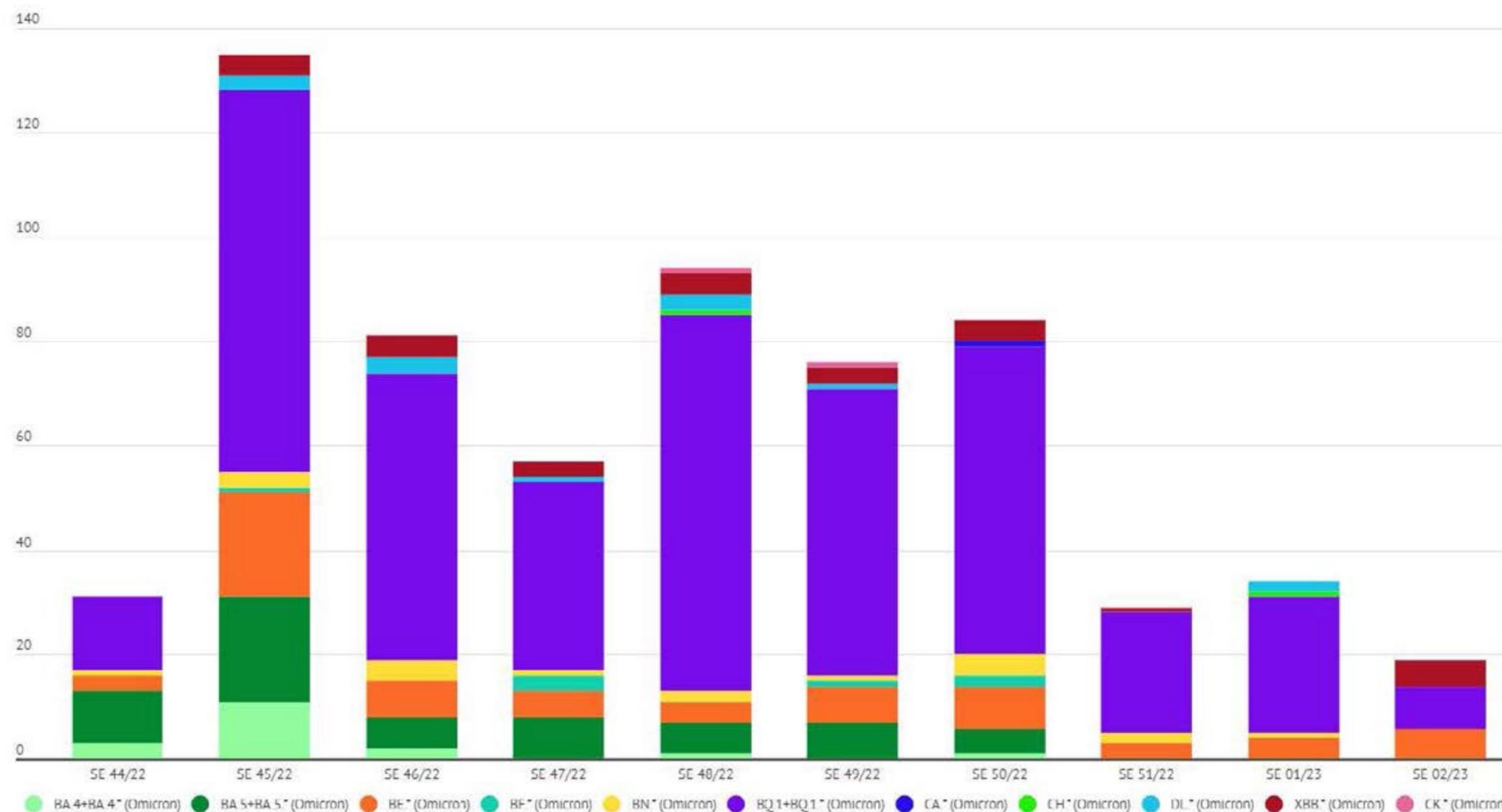
Após o Boletim Genômico número 12 até o momento atual, houve um aumento de 905 amostras sequenciadas, com incremento relativo de 11,1%. No período descrito circularam 42 sublinhagens conforme demonstra a **Figura 03** (BA.4.6, BA.5, BA.5.1, BA.5.2, BA.5.2.1, BA.5.2.34, BA.5.2.6, BA.5.3.1, BE.10, BE.6, BE.9, BF.28, BF.7, BF.7.5, BN.1.3.1, BN.1.5, BN.3.1, BQ.1, BQ.1.1, BQ.1.1.11, BQ.1.1.13, BQ.1.1.17, BQ.1.1.18, BQ.1.1.23, BQ.1.1.25, BQ.1.1.3, BQ.1.1.32, BQ.1.1.4, BQ.1.1.5, BQ.1.1.9, BQ.1.2, BQ.1.22, BQ.1.25, BQ.1.28, BQ.1.3, CA.7, CH.1.1, CK.1, DL.1, XBB, XBB.1 e XBB.1.5) no Estado. A **Figura 04** demonstra a presença das principais sublinhagens ao longo das semanas epidemiológicas de 2022 e 2023.

FIGURA 03: Quantitativo das principais sublinhagens da Ômicron encontradas em Santa Catarina da semana epidemiológica 40 de 2022 a 02 de 2023.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC.

FIGURA 04: Principais sublinhagens da Ômicron encontradas em Santa Catarina por semana epidemiológica 40 de 2022 a 02 de 2023.

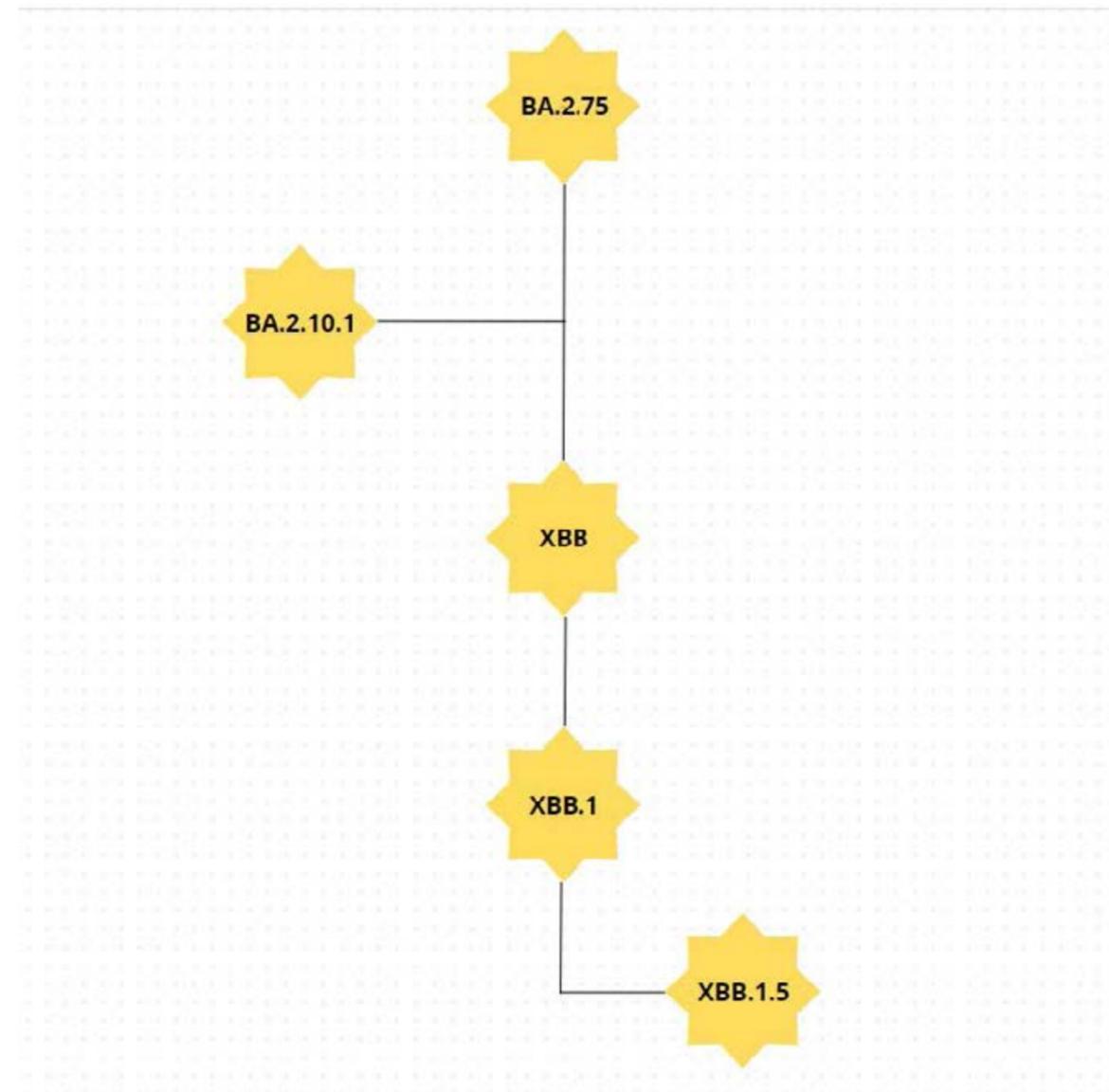


Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC.

As sublinhagens BA.4+BA.4.* e BA.5+BA.5.* foram diminuindo com o passar das semanas epidemiológicas (SE) e sendo substituídas pela BQ.1.1, que se manteve constante mesmo com o baixo número de casos ao decorrer das semanas. A sublinhagem BE.9 também teve evidência nas últimas SE de 2022.

O surgimento de uma subvariante ocorre quando uma variante apresenta pequenas alterações do genoma viral, mas não o suficiente para ser considerada uma nova variante. O XBB* é um recombinante das sublinhagens BA.2.10.1 e BA.2.75. Embora sejam necessários mais estudos, os dados atuais não sugerem que haja diferenças substanciais na gravidade da doença para infecções por XBB*. Há, no entanto, evidências iniciais que apontam para um maior risco de reinfecção, em comparação com outras sublinhagens Ômicron circulantes. Se o escape imunológico aumentado de XBB* é suficiente para gerar novas ondas de infecção, parece depender do cenário imunológico regional afetado pelo tamanho e tempo das ondas Ômicron anteriores, bem como da cobertura vacinal contra COVID-19.

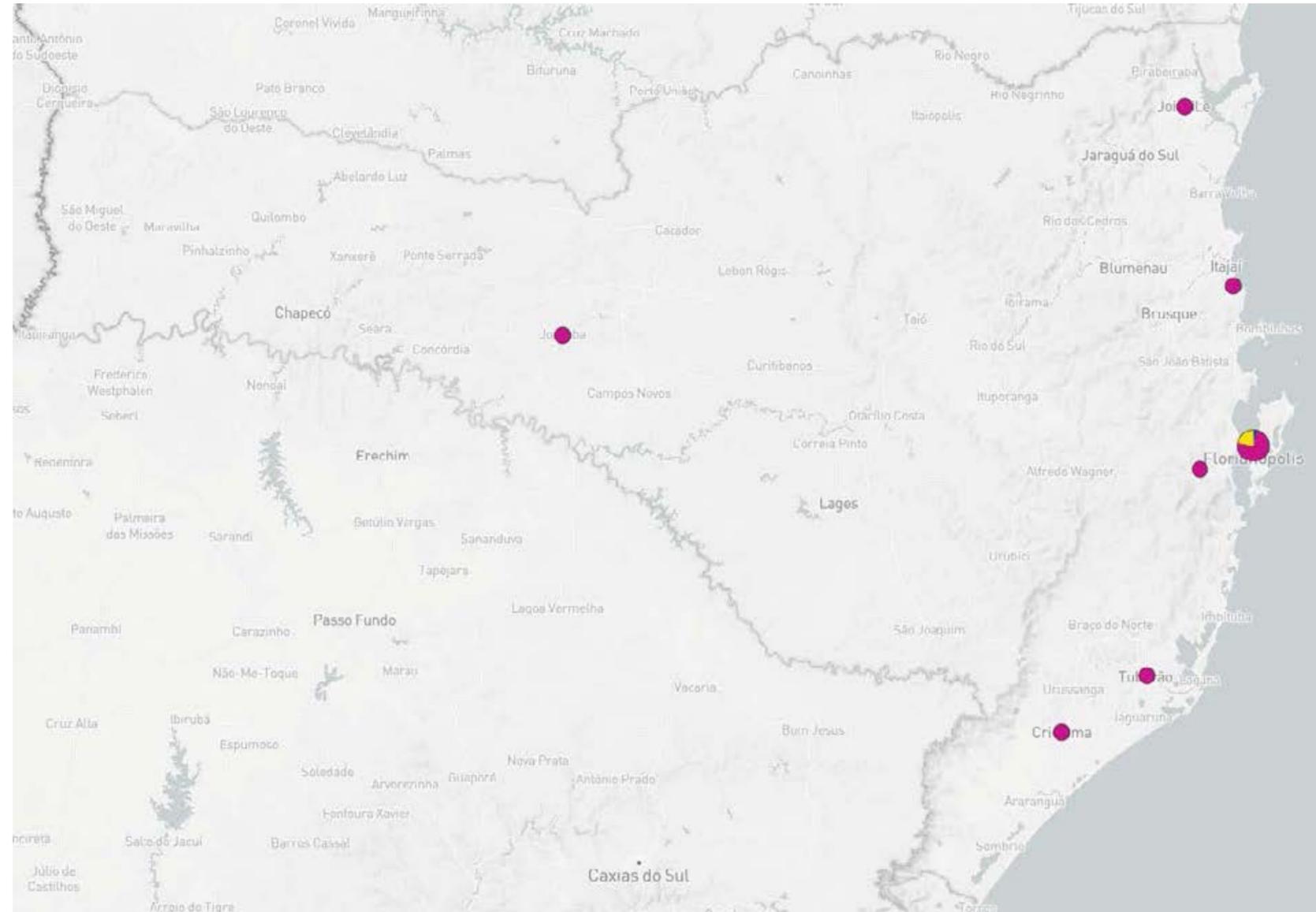
FIGURA 05: Recombinação genética de duas subvariantes Ômicron (BA.2.75 e BA.2.10.1) gerando o surgimento da XBB e suas descendentes.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC.

Em Santa Catarina o surgimento da subvariante XBB.1 ocorreu no início de novembro de 2022 e da subvariante XBB.1.5 no início de janeiro de 2023, ambas em Florianópolis. Até o momento há 29 registros destas subvariantes nos municípios de Balneário Camboriú, Criciúma, Florianópolis, Joaçaba, Joinville, Santo Amaro da Imperatriz e Tubarão (**Figura 06**).

FIGURA 06: Distribuição da subvariante recombinante XBB e suas descendentes confirmadas em Santa Catarina.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC.

Através de sequenciamento genômico foram confirmadas, até o momento, 67 reinfecções de SARS-CoV-2 entre residentes de Santa Catarina, sendo o estado com mais confirmações de reinfecções do país. As amostras com suspeita de reinfecções de indivíduos com dois resultados positivos de RT-qPCR para o vírus SARS-CoV-2, com intervalo igual ou superior a 90 dias entre os dois episódios de infecção, independente da condição clínica observada nos dois episódios, são encaminhados ao laboratório de referência Laboratório de Vírus Respiratórios e Sarampo – FIOCRUZ/RJ.

A amostragem por conveniência não permite exceder a frequência com a real proporção das linhagens na população. No entanto, isso permite afirmar quais são as linhagens em circulação no estado.

Ressalta-se que o número de linhagens, bem como a classificação das mesmas, pode variar entre as diferentes edições deste boletim. O sistema de classificação de linhagens é dinâmico e estas podem ser alteradas futuramente mediante uma nova versão do sistema de classificação.

REFERÊNCIAS

JIANG, H.; WU, C.; XU, W. et al. First Imported Case of SARS-CoV-2 Omicron Subvariant BA.5 — Shanghai Municipality, China, May 13, 2022. *China CDC Weekly*.

WANG, Q.; GUO, Y.; IKETANI, S. et al. SARS-CoV-2 Omicron BA.2.12.1, BA.4, and BA.5 subvariants evolved to extend antibody evasion. preprint **bioRxiv**. 2022.

CAO, Y., JIAN, F., WANG, J. et al. Imprinted SARS-CoV-2 humoral immunity induces convergent Omicron RBD evolution. preprint **bioRxiv**. 2022.

SHRESTHA, L. B.; FOSTER, C.; RAWLINSON, W. et al. Evolution of the SARS-CoV-2 omicron variants BA.1 to BA.5: Implications for immune escape and transmission. **Reviews in Medical Virology**. v. 32, n. 5. 2022.



GOVERNO DE
**SANTA
CATARINA**
SECRETARIA DA SAÚDE