

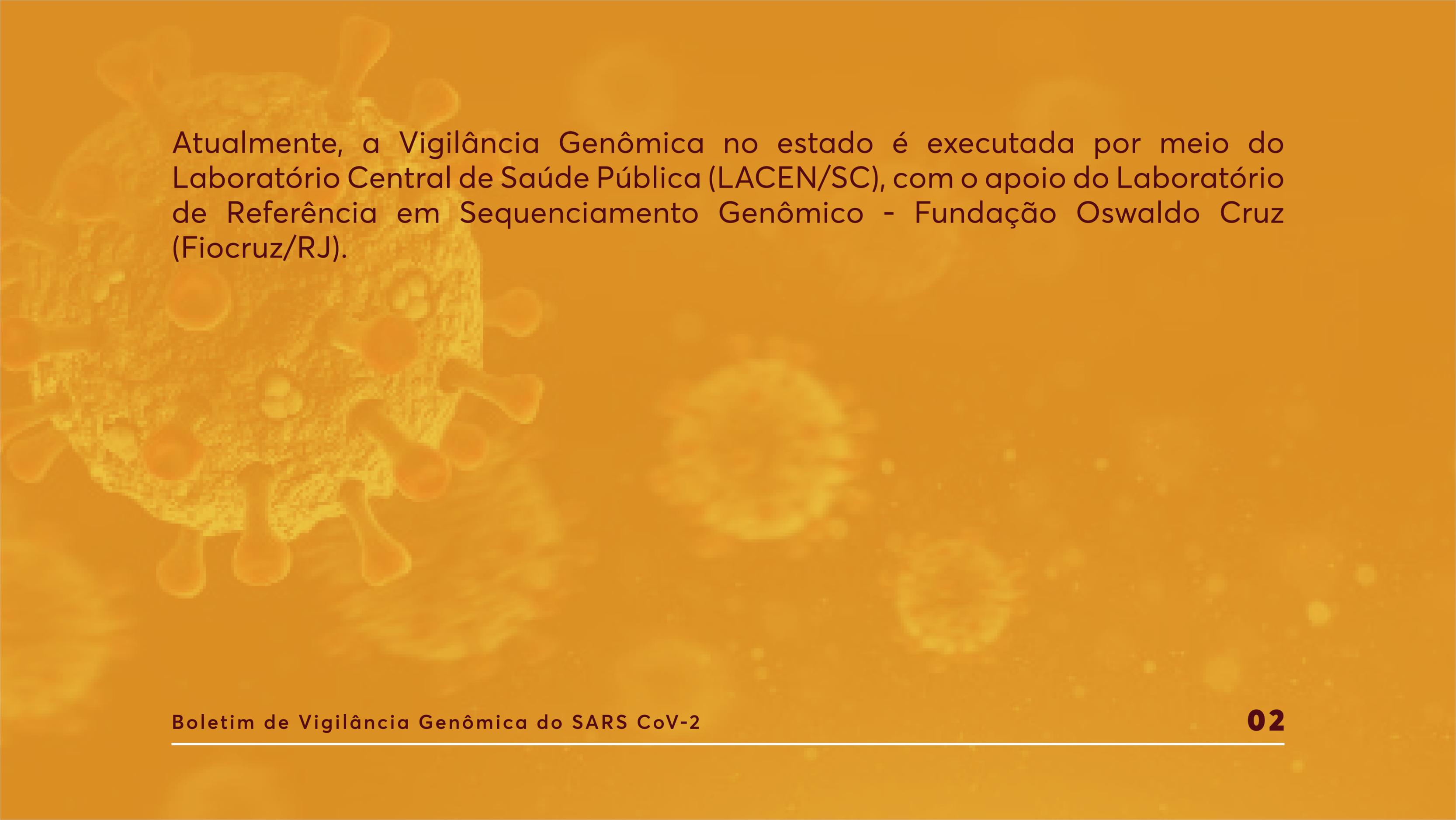


# BOLETIM DE VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS CoV-2

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA N° 42  
ATUALIZADO EM 18/11/2022



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 executada 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 um vírus circula amplamente em uma população, causando muitas infecções, a probabilidade de sofrer mutação aumenta. O aparecimento de mutações é um evento natural e esperado no processo evolutivo de qualquer vírus, especialmente os que possuem ácido ribonucleico (RNA do inglês *ribonucleic acid*) como seu material genético, como é o caso do SARS-CoV-2, em que há falta de um mecanismo de reparo de incompatibilidade. 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.

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

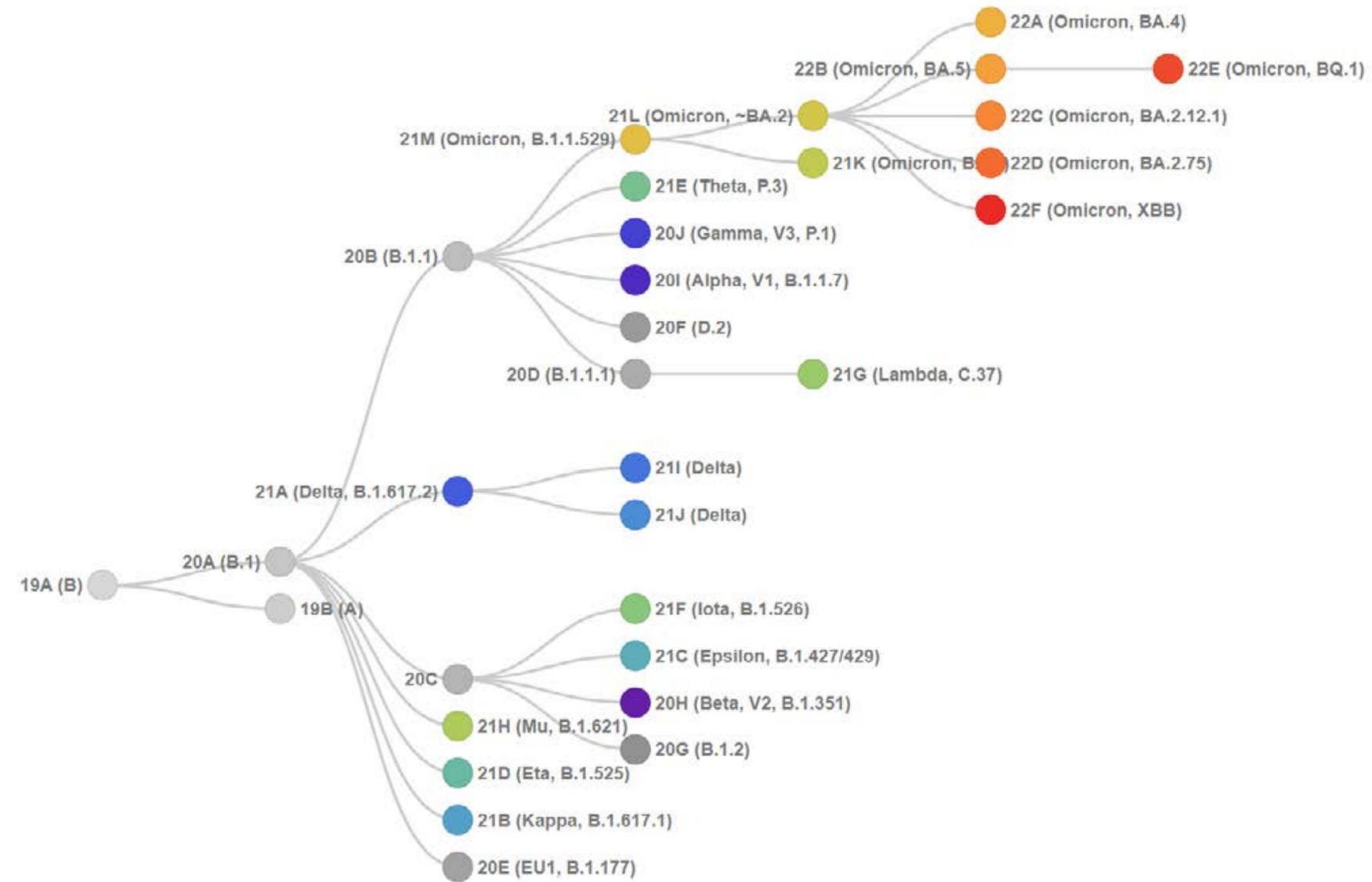
\*Inclui BA.1, BA.2, BA.3, BA.4, BA.5 e linhagens descendentes. Também inclui formas recombinantes circulantes BA.1/BA.2, como XE e XAG. A OMS enfatiza que essas linhagens descendentes devem ser monitoradas como linhagens distintas pelas autoridades de saúde pública e avaliações comparativas de suas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

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

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 origem da Ômicron permanece incerta. 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:** Mapa de cobertura de Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 em Santa Catarina no período de 2020 a 2022.



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

Em comparação com o genoma de referência Wuhan-Hu-1, a região Spike da variante BA.1 originalmente descrita tinha 35 mutações resultando em 30 substituições de aminoácidos, três deleções e uma inserção de três aminoácidos (ins214EPE), 15 dessas mutações caem no domínio de ligação ao receptor (RBD), local para muitos anticorpos com função de neutralização que impedem o vírus de ligar-se ao receptor da célula humana portanto, possuem relevância clínica significativa. A variante Ômicron também abriga três e seis mutações nas regiões que codificam a proteína de membrana e a proteína do nucleocapsídeo, respectivamente.

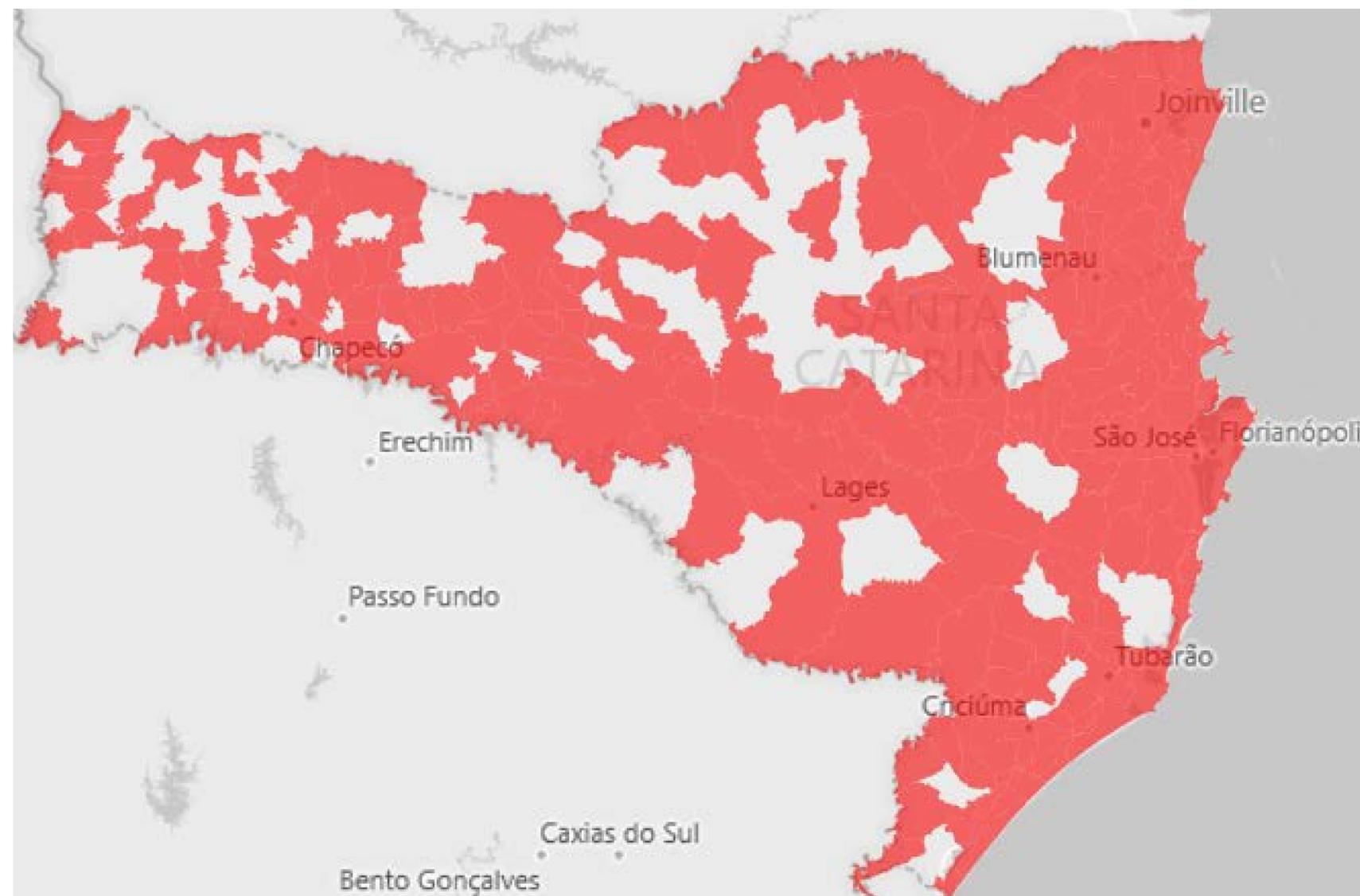
Ao todo, em comparação com a cepa do tipo selvagem inicial e outras VOCs (Alfa, Beta, Gama e Delta), a variante Ômicron possui o maior número de mutações, envolvendo Spike (S), Envelope (E), Membrana (M), Proteínas do nucleocapsídeo (N) e NSPs (NSP3, NSP4, NSP5, NSP6, NSP12, NSP1). Essas mutações podem afetar as características biológicas da variante Ômicron, incluindo o aumento da transmissibilidade, causando escape imune e aumentando a virulência.

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) 42 de 2022. 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 seleção de amostras através de protocolo de inferência de RT-PCR em tempo real para detecção de potenciais VOCs.

Durante o período de 2020 a 2022 foram sequenciados 8119 genomas completos do SARS-CoV-2 detectável por RT-qPCR, sendo 117 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**.

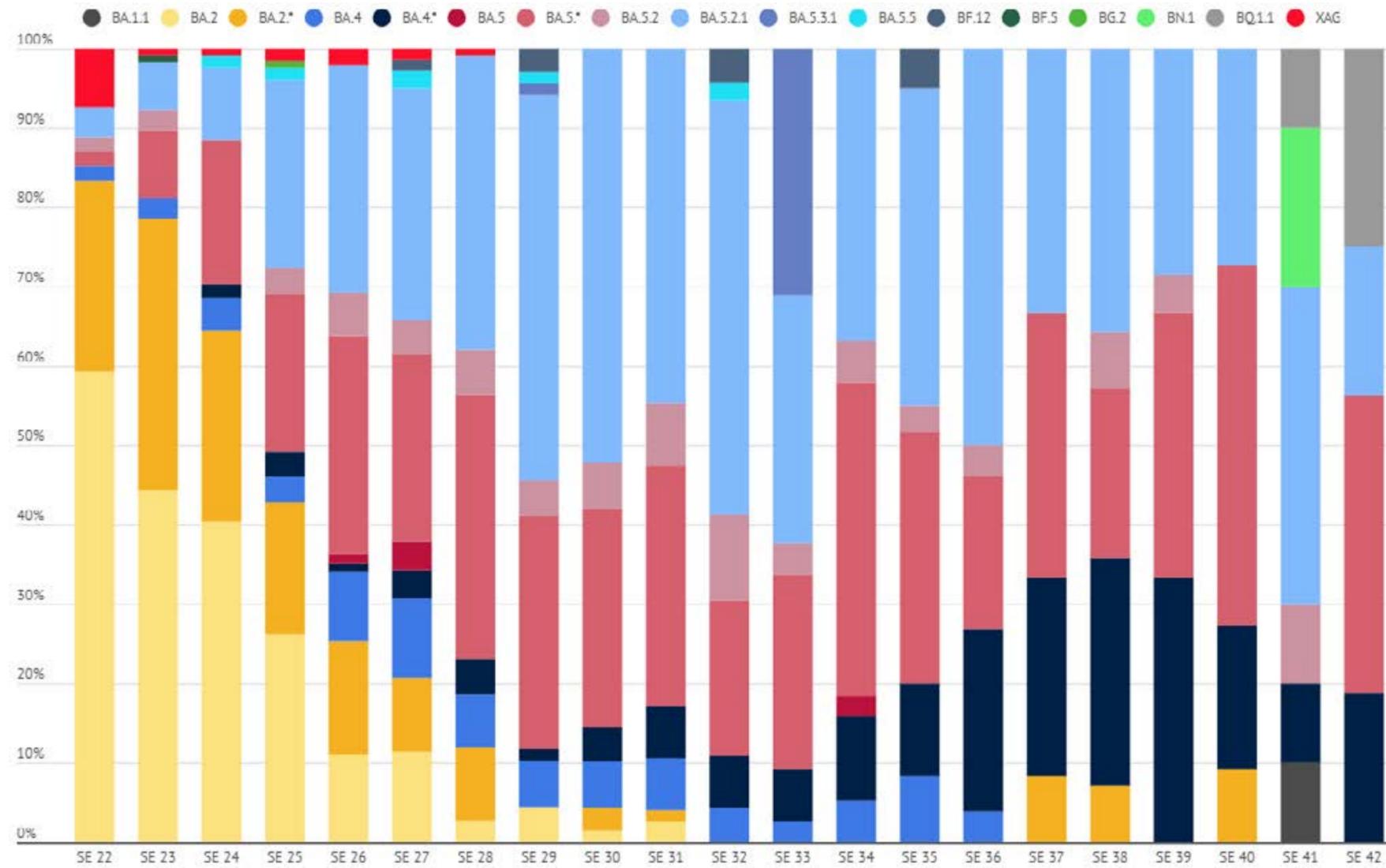
**FIGURA 02:** Mapa de cobertura de Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 em Santa Catarina no período de 2020 a 2022.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC.

Após o Boletim Genômico número 11 até o momento atual, houve um aumento de 1756 amostras sequenciadas, com incremento relativo de 27,5%. No período descrito circularam 43 sublinhagens (BA.1, BA.1.1, BA.1.1.1, BA.1.1.14, BA.1.14, BA.1.14.1, BA.1.14.2, BA.1.15, BA.1.17, BA.1.17.2, BA.2, BA.2.1, BA.2.12.1, BA.2.23, BA.2.3, BA.2.36, BA.2.45, BA.2.56, BA.2.7, BA.2.9, BA.2.9.3, BA.4, BA.4.1, BA.4.6, BA.5, BA.5.1, BA.5.1.15, BA.5.1.2, BA.5.1.23, BA.5.1.25, BA.5.2, BA.5.2.1, BA.5.2.10, BA.5.2.21, BA.5.2.3, BA.5.2.6, BA.5.3.1, BA.5.5, BA.5.9, BF.12, BF.5, BG.2, BN.1, BQ.1.1 e XAG ) no Estado. A Figura 03 demonstra a presença de cada sublinhagem ao longo das semanas epidemiológicas.

**FIGURA 03:** Principais linhagens de SARS-CoV-2 encontradas em Santa Catarina por semana epidemiológica no ano de 2022.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC.

O primeiro caso confirmado de BQ.1.1 no estado foi em 11 de outubro em Florianópolis. Até o momento são cinco casos confirmados nos seguintes municípios: Florianópolis (3), Balneário Camboriú (1) e Joinville (1).

As sublinhagens BQ.1 e BQ.1.1, as quais têm como ancestral BA.5, contêm várias mutações em sua proteína de pico SARS-CoV-2, incluindo K444T, L452R, N460K e F486V, que dão a capacidade de evadir respostas imunes. BQ.1.1 possui uma mutação adicional, R346T. Dados preliminares sugerem que algumas dessas mutações podem ajudar o vírus a evitar anticorpos contra o SARS-CoV-2.

É provável que essas mutações adicionais tenham conferido uma vantagem de escape imunológico sobre outras sublinhagens circulantes de Ômicron e, portanto, um maior risco de reinfecção é uma possibilidade que precisa de mais investigação. Neste momento, não há dados epidemiológicos suficientes que sugiram um aumento na gravidade da doença. O impacto das alterações imunológicas observadas no escape da vacina ainda não foi estabelecido.

Também foi encontrada a variante BN.1 no início de outubro em Criciúma (1) e São José (1). Esta variante tem como ancestral a BA.2.75.5.1, teve seu surgimento no final de julho. Ainda não há dados suficientes sobre sua transmissão e gravidade, por enquanto é considerada uma variante de monitoramento pela Organização Mundial da Saúde.

Foram confirmadas 53 reinfecções de SARS-CoV-2 entre residentes de Santa Catarina. 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.

As características evolutivas do SARS-CoV-2 no mundo fornece uma base científica para a futura vigilância e prevenção de variantes do vírus. Para controlar o SARS-CoV-2 e pensar na restauração das atividades normais da vida das pessoas, é necessário continuar a monitorar mutações específicas, que são de grande importância para um controle mais dinâmico do SARS-CoV-2 e da avaliação da eficácia das vacinas existentes.

Atualmente, a vacinação com doses de reforço, juntamente com o uso de máscara e o distanciamento social, continuam sendo o meio mais eficaz para mitigar o impacto na saúde do surto de Ômicron.

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.

Para observar mais detalhes da Vigilância Genômica em Santa Catarina acesse o [site do LACEN/SC](#) para dados atualizados com gráficos, mapas e conteúdos interativos no nosso *dashboard*.

## 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.

