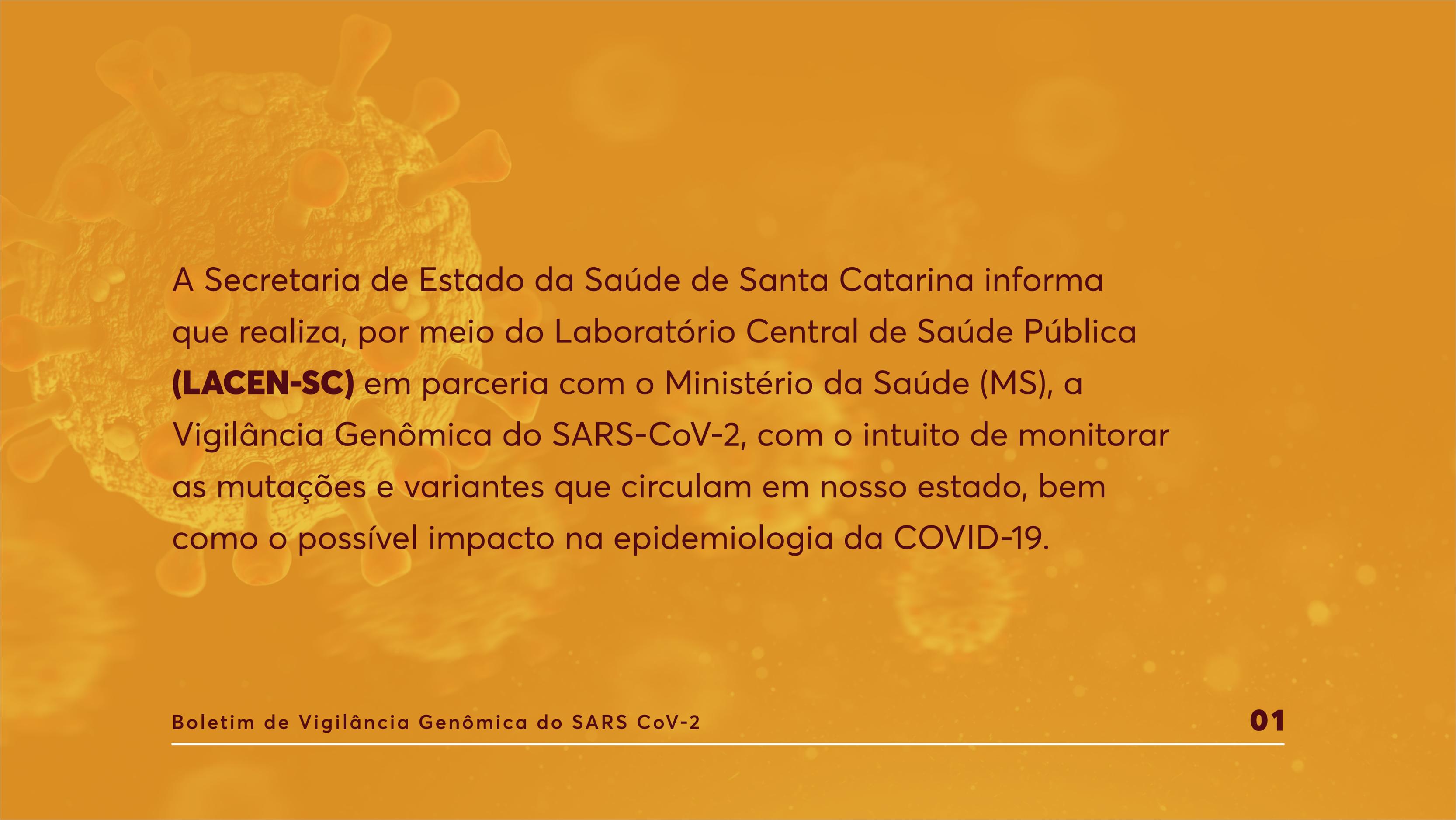




BOLETIM DE VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS CoV-2

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA Nº 14
ATUALIZADO EM 23/04/2021



A Secretaria de Estado da Saúde de Santa Catarina informa que realiza, por meio do Laboratório Central de Saúde Pública **(LACEN-SC)** em parceria com o Ministério da Saúde (MS), a Vigilância Genômica do SARS-CoV-2, com o intuito de monitorar as mutações e variantes que circulam em nosso estado, bem como o possível impacto na epidemiologia da COVID-19.

O processo inicia com a seleção de amostras de interesse pelo LACEN-SC em conjunto com a área técnica responsável pela vigilância da COVID-19 na Diretoria de Vigilância Epidemiológica (DIVE-SC). Posteriormente o material tecnicamente viável é encaminhado para os laboratórios de referência em sequenciamento genômico. Para Santa Catarina (SC), o MS estabeleceu como referência a Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz/RJ) e a Fundação Ezequiel Dias (FUNED) em Minas Gerais. Também colabora com a vigilância genômica o Laboratório de Bioinformática/Força Tarefa COVID-19 da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC).

Neste sentido, este boletim tem como objetivo informar os resultados parciais referentes às análises genômicas das amostras de SARS-CoV-2 provenientes do Estado de Santa Catarina, no período de 2020 até a semana epidemiológica 14 de 2021.

Foi realizado sequenciamento de 424 genomas completos do SARS-CoV-2 provenientes de pacientes com sintomas de COVID-19 residentes em 99 municípios diferentes do estado de Santa Catarina, de ambos os sexos e faixa etária variada dos 4 aos 92 anos de idade. A escolha das amostras para o

sequenciamento foi baseada na representatividade de todas as regiões geográficas do estado e foram provenientes de indivíduos com sintomas clínicos característicos, como dificuldade de respirar, muito cansaço, síndrome respiratória aguda grave e/ou pneumonia. Foram analisados também, amostras provenientes de óbito e suspeitas de reinfecção.

Os genomas sequenciados, utilizando a tecnologia desenvolvida pela Illumina, apresentaram em sua grande maioria cobertura superior a 99% do genoma total.

O sistema de classificação de linhagens é dinâmico e estas podem ser alteradas futuramente mediante a uma nova versão do sistema de classificação. Para a liberação do relatório tanto a Fiocruz/RJ quanto a Funed/MG, onde as amostras foram sequenciadas, utilizaram o software Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak LINages disponível em <https://github.com/cov-lineages/pangolin>, seguindo a classificação dinâmica proposta por Rambaut e colaboradores (Rambaut et al., 2020).

As variantes denominadas cientificamente de “variantes de preocupação” ou Variants of Concern (VOCs) reconhecidas pela Organização Mundial da Saúde são:

- B.1.1.7 (501Y.VI) - Surgiu no Reino Unido em dezembro
- B.1.351 (501Y.V2) - Surgiu na África do Sul em dezembro
- P.1 (501Y.V3) - Surgiu no Brasil no final de 2020

Variantes de interesse ou Variant of Interest (VOI)

- P.2

Dos 424 genomas completos sequenciados resultaram em um total de 13 linhagens diferentes. Com prevalência das linhagens P.1 e P.2 respectivamente, seguido da B.1.1.28 e B.1.1.33 como demonstra a Figura 01. Ambas linhagens P.1 e P.2 são descendentes da linhagem B.1.1.28 em circulação no país desde março de 2020 (RESENDE. 2021a).

As primeiras linhagens encontradas nas amostras que foram sequenciadas foram a B.1.195 em Xanxerê, B.1.1.28 em Barra Velha, e B.1.1.33 em Chapecó e Xanxerê, todas em maio de 2020. Em um estudo de Franceschi e colaboradores (2021), demonstraram que a primeira fase de crescimento exponencial foi impulsionada pela disseminação de B.1.195 em Manaus, no entanto, sua prevalência diminuiu gradativamente após o primeiro pico epidêmico no início de maio e foi superada pela linhagem B.1.1.28. Em SC, seguiu a mesma sequência de fatos de Manaus, sendo a linhagem B.1.195 substituída gradativamente pelas linhagens B.1.1.33 e B.1.1.28, como demonstra a Figura 02.

O surgimento da linhagem P.1 em Santa Catarina foi no final de dezembro de 2020 em São Francisco do Sul, na região norte do estado. De acordo com o site Pangolin (<https://cov-lineages.org/>), que é atualizado diariamente com os dados que são publicados no GISAID, um banco de dados genômicos de vírus público, o surgimento da linhagem P.1 no mundo deu-se na data 30 de novembro de 2020.

Desde o final de 2020, diferentes variantes mais transmissíveis de preocupação e também variantes de interesse com mutações convergentes no domínio de ligação ao receptor (RBD) da proteína S (particularmente E484K e N501Y) surgiram. Das amostras sequenciadas, quatro amostras de linhagem P.1 apresentaram mutações em H69del e S70del e duas amostras de linhagem P.2 apresentaram mutações em E484K, D614G e V1176F na Spike. Esses achados apóiam que a contínua transmissão generalizada do SARS-CoV-2 no Brasil está gerando novas linhagens virais que podem ser mais resistentes.

As linhagens P.1, P.2, B.1.1.28 e B.1.1.38 foram encontradas em todas as regiões do estado, sendo elas, Grande Florianópolis, Vale do Itajaí, Norte, Oeste, Serrana e Sul.

A variante B.1.1.7 que surgiu no Reino Unido foi encontrada em três amostras de Santa Catarina, uma em janeiro e as outras duas em fevereiro deste ano, todas em Florianópolis.

Dez amostras positivas para SARS-CoV-2 eram de pessoas residentes fora de Santa Catarina (Manaus = 5, Curitiba = 2, Almeirim/PA = 1, Belém/PA = 1, Porto Velho/RO = 1), mas que acabaram requisitando o sistema de saúde do estado.

O primeiro caso confirmado de reinfecção por COVID em Santa Catarina foi no município de Lages através da linhagem P.1.

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. Na Figura 03, os municípios que tiveram amostras sequenciadas estão apontados.

TABELA 01: Prevalência das linhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas em Santa Catarina

LINHAGEM	TOTAL
B.1	3
B.1.1.1	1
B.1.1.143	2
B.1.195	1
B.1.1.220	1
B.1.1.279	2
B.1.1.28	62
B.1.1.33	32
B.1.1.332	1
B.1.1.38	1
B.1.1.7	3
P.1	167
P.2	148

FIGURA 01: Prevalência das linhagens de SARS CoV-2 sequenciadas em Santa Catarina

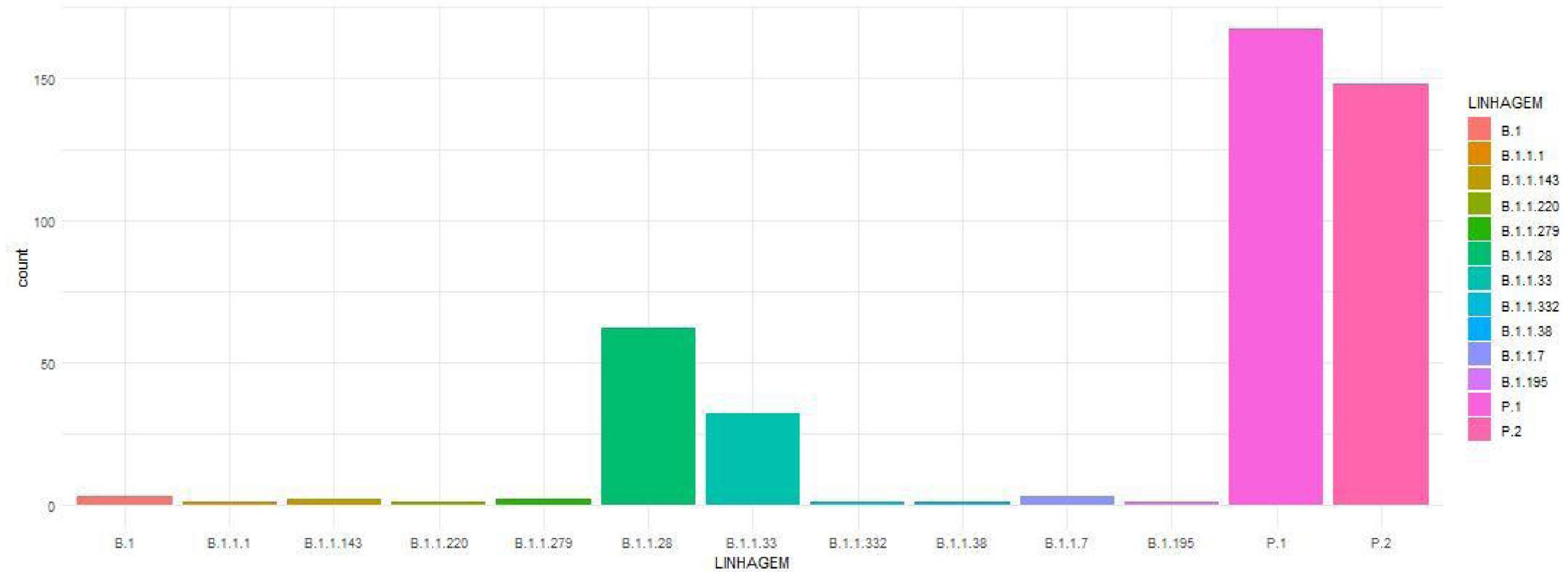


FIGURA 02: Relação das linhagens de SARS-CoV-2 sequenciadas em Santa Catarina conforme datas

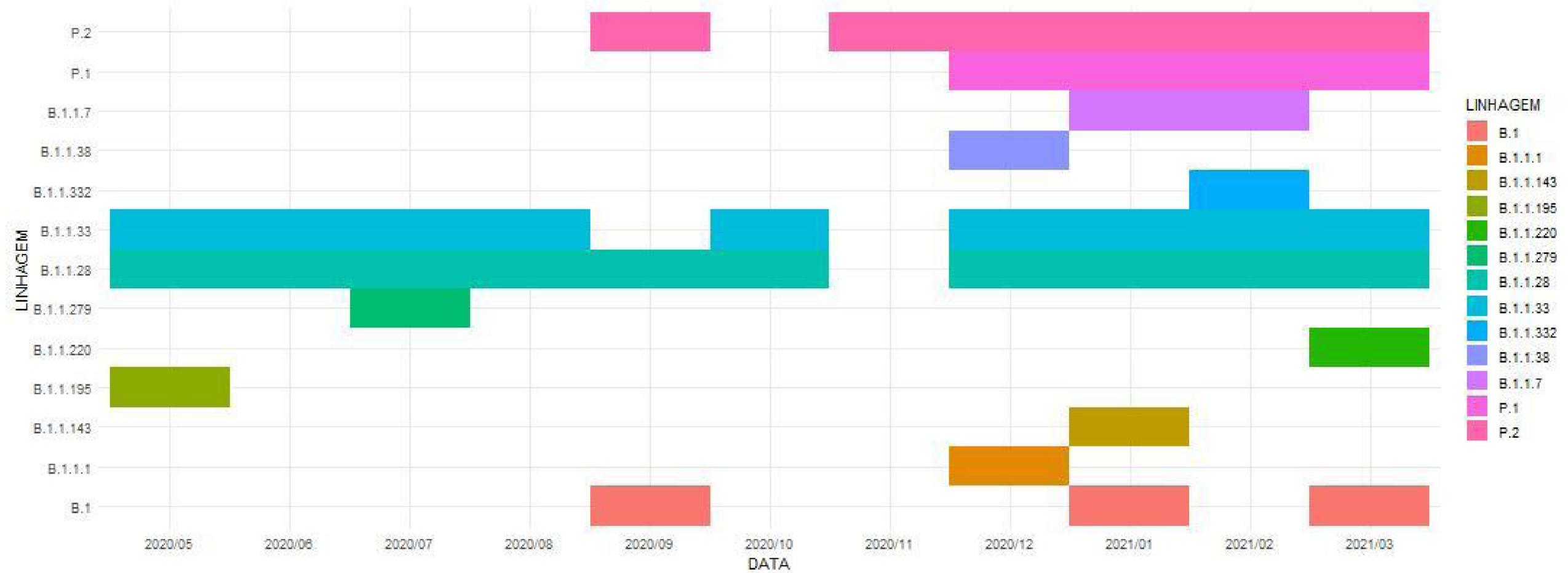
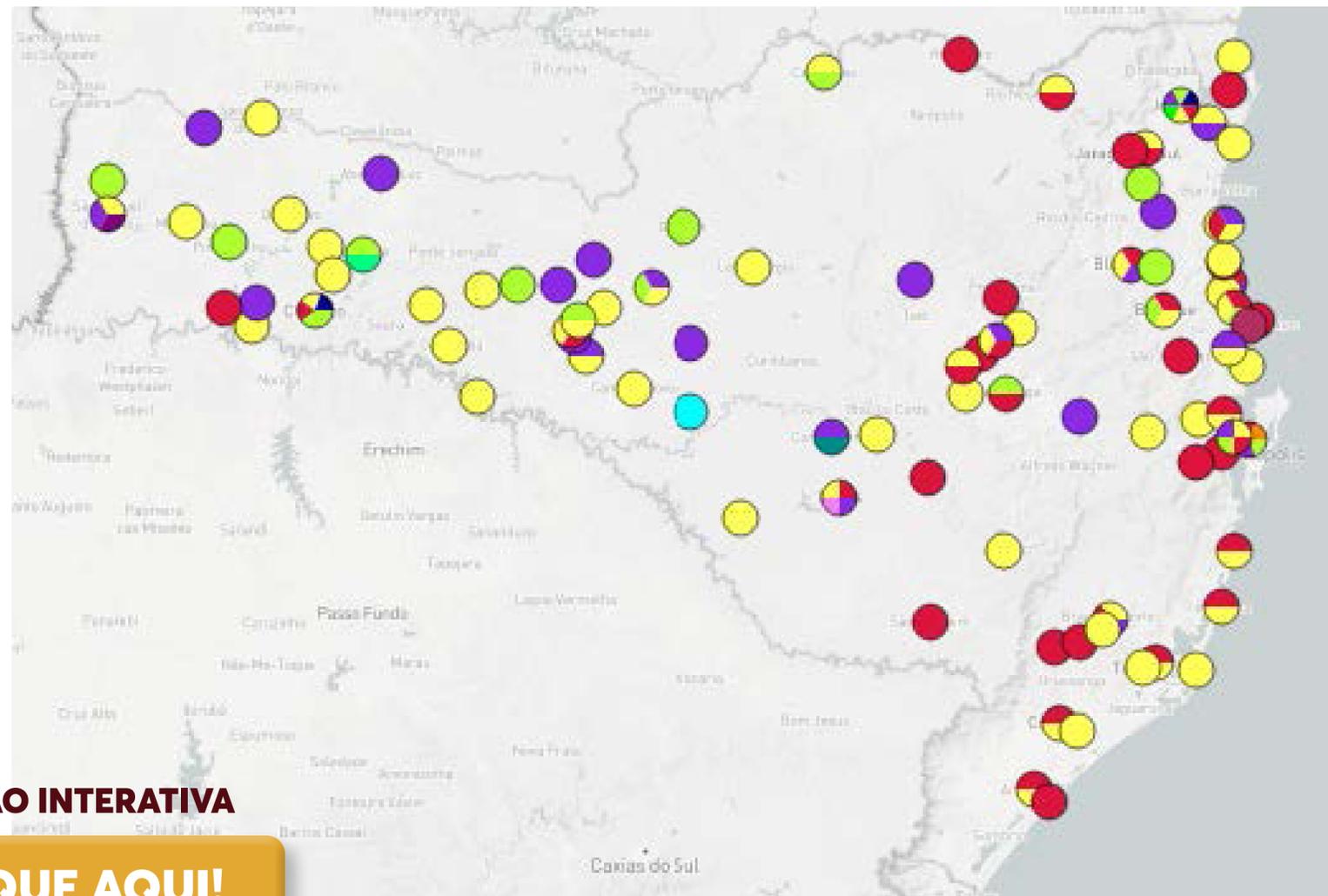


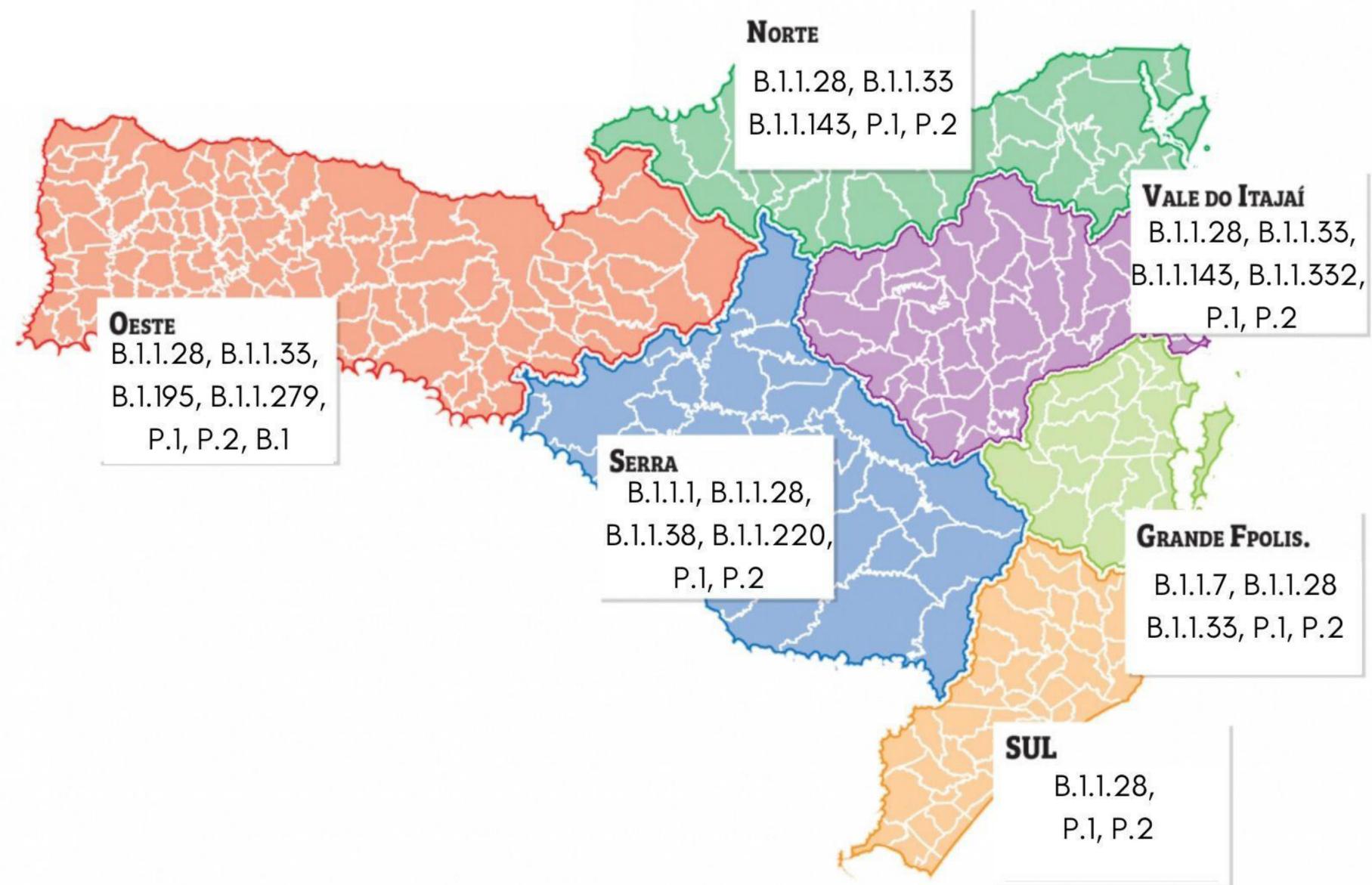
FIGURA 03: Distribuição das diferentes linhagens de SARS-CoV-2 em Santa Catarina



VERSÃO INTERATIVA

CLIQUE AQUI!

FIGURA 04: Distribuição das diferentes linhagens de SARS-CoV-2 nas seis regiões de Santa Catarina



Ressaltamos 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

FRANCESCHI, V. B., FERRAREZE, P. A. G., ZIMERMAN, R. A., CYBIS, G. B., THOMPSON, C. E. Mutation hotspots, geographical and temporal distribution of SARS-CoV-2 lineages in Brazil, February 2020 to February 2021: insights and limitations from uneven sequencing efforts. medRxiv. 2021.

RAMBAUT, A.; LAM, T.T.; CARVALHO, L.M.; PYBUS, O.G. Exploring the temporal structure of heterochronous sequences using TempEst (formerly Path-O-Gen). Virus Evol. 2016.

RESENDE, P.C., GRÄF, T., PAIXÃO, A.C.D., APPOLINARIO, L., LOPES, R.S., DA FONSECA MENDONÇA, A.C., DA ROCHA, A.S.B., MOTTA, F.C., NETO, L.G.L., KHOURI, R. et al. A potential SARS-CoV-2 variant of interest (VOI) harboring mutation E484K in the Spike protein was identified within lineage B.1.1.33 circulating in Brazil. bioRxiv. 2021a.

RESENDE, P.C., NAVECA, F.G., LINS, R.D., DEZORDI, F.Z., FERRAZ, M.V.F., MOREIRA, E.G., COÊLHO, D.F., MOTTA, F.C., PAIXÃO, A.C.D., APPOLINARIO, L. et al. The ongoing evolution of variants of concern and interest of SARS-CoV-2 in Brazil revealed by convergent indels in the amino (N)-terminal domain of the Spike protein. medRxiv. 2021b

