



BOLETIM DE VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS CoV-2

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA N° 50
ATUALIZADO EM 05/01/2022

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), e a colaboração do laboratório de Bioinformática da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), via projeto FAPESC.

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 em inglês) 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 todas as VOC e VOI reconhecidas pela Organização Mundial da Saúde.

Em 26 de novembro de 2021 a Organização Mundial da Saúde (OMS) incluiu a variante B.1.1.529 como VOC, e a nomeou Ômicron. A decisão de designá-la como uma VOC foi baseada na evidência de que a Ômicron tem uma constelação de mutações, sobretudo na proteína Spike (de 26 a 32) que podem aumentar sua transmissibilidade e/ou permitir algum grau de escape imunológico. A variante B.1.1.529 foi relatada pela primeira vez à OMS em 24 de novembro de 2021 na África do Sul, enquanto que o primeiro caso conhecido confirmado por laboratório foi identificado a partir de uma amostra coletada em 9 de novembro de 2021. Por apresentar um grande número de mutações no seu genoma (mais de 50), algumas são preocupantes, sugerindo um risco aumentado de reinfeção com esta variante, em comparação com outros VOC.

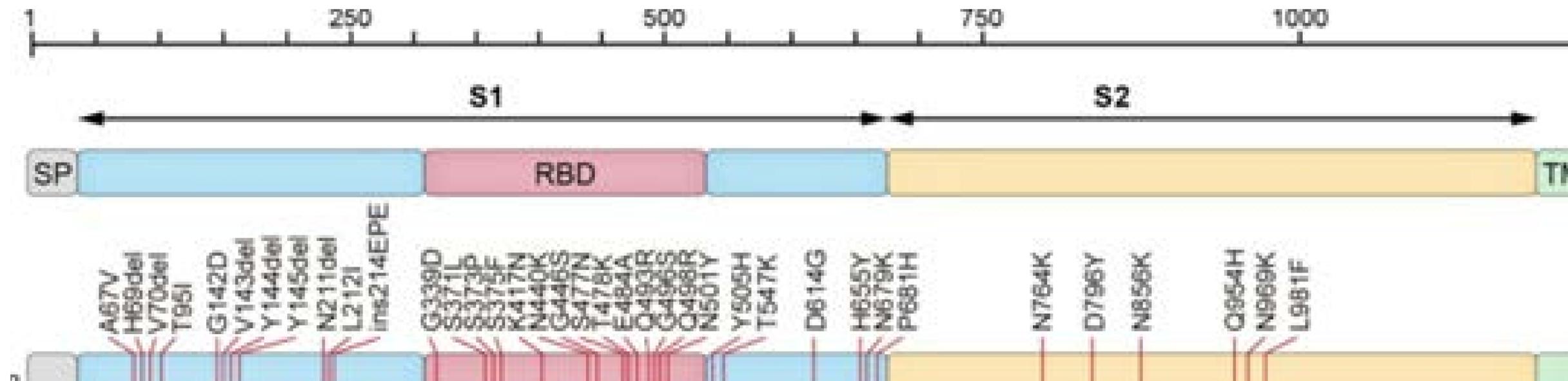
Tabela 01: Rótulo para variantes de preocupação e variantes de interesse do SARS-CoV-2, segundo a Organização Mundial da Saúde.

| RÓTULO OMS | LINHAGEM | PRIMEIRA DOCUMENTAÇÃO |
|-------------------|-----------------|------------------------------|
| VOC | | |
| Alfa | B.1.1.7 | Reino Unido |
| Beta | B.1.351 | África do Sul |
| Gama | P.1 | Brasil |
| Delta | B.1.617.2 | Índia |
| Ômicron | B.1.1.529 | África do Sul |
| VOI | | |
| Lambda | C.37 | Peru |
| Mu | B.1.621 | Colômbia |

As principais preocupações sobre a variante Ômicron incluem se é mais infecciosa ou grave do que outras VOC e se pode escapar da proteção vacinal. Embora os dados imunológicos e clínicos ainda não estejam disponíveis para fornecer evidências definitivas, podemos extrapolar o que é conhecido sobre as mutações da Ômicron para fornecer indicações preliminares sobre transmissibilidade, gravidade e escape imunológico.

Ômicron apresenta algumas deleções e mais de 30 mutações **(Figura 01)**, várias das quais se sobrepõem às aquelas observadas em Alfa, Beta, Gama ou Delta. Ainda não há comprovação científica para afirmar sobre a infecciosidade da variante e seu impacto na eficácia das vacinas. Como as mutações imitam algumas das encontradas em outras variantes, a Ômicron provavelmente seria altamente infecciosa e transmissível. Acredita-se que as mutações da proteína Spike, como D614G, N501Y e K417 N, tornem o vírus mais infeccioso. Da mesma forma, as mutações H655Y, N679K e P681H podem aumentar a transmissão do vírus (também encontrado nas variantes Alfa e Delta). Os anticorpos produzidos para a infecção natural são geralmente de baixo título e se dissipam rapidamente. Com base nesses conceitos, é provável que mais reinfecções sejam observadas com a variante Ômicron. Os subconjuntos da população sem vacinação são mais propensos a estar predispostos à infecção e sofrem de uma forma mais grave da doença do que os indivíduos vacinados nos quais a imunidade parcial é conferida pela resposta mediada por células T.

FIGURA 01: Ilustração esquemática da proteína Spike e as 32 mutações da variante Ômicron



Fonte: ZHANG, et al. 2021

O fato de a Ômicron ter surgido em um país com baixa cobertura vacinal não é um acaso. Na verdade, esta nova VOC reforça a importância de dar acesso à vacinação em todo o mundo, uma vez que deixar o vírus circular livremente em populações não vacinadas, primeiro ameaça essas populações de casos graves de COVID-19 e mortes e, segundo, permite que o vírus acumule mutações rapidamente, que pode aumentar a transmissibilidade e infecciosidade viral, ou levar a novas ondas mortais em todo o mundo.

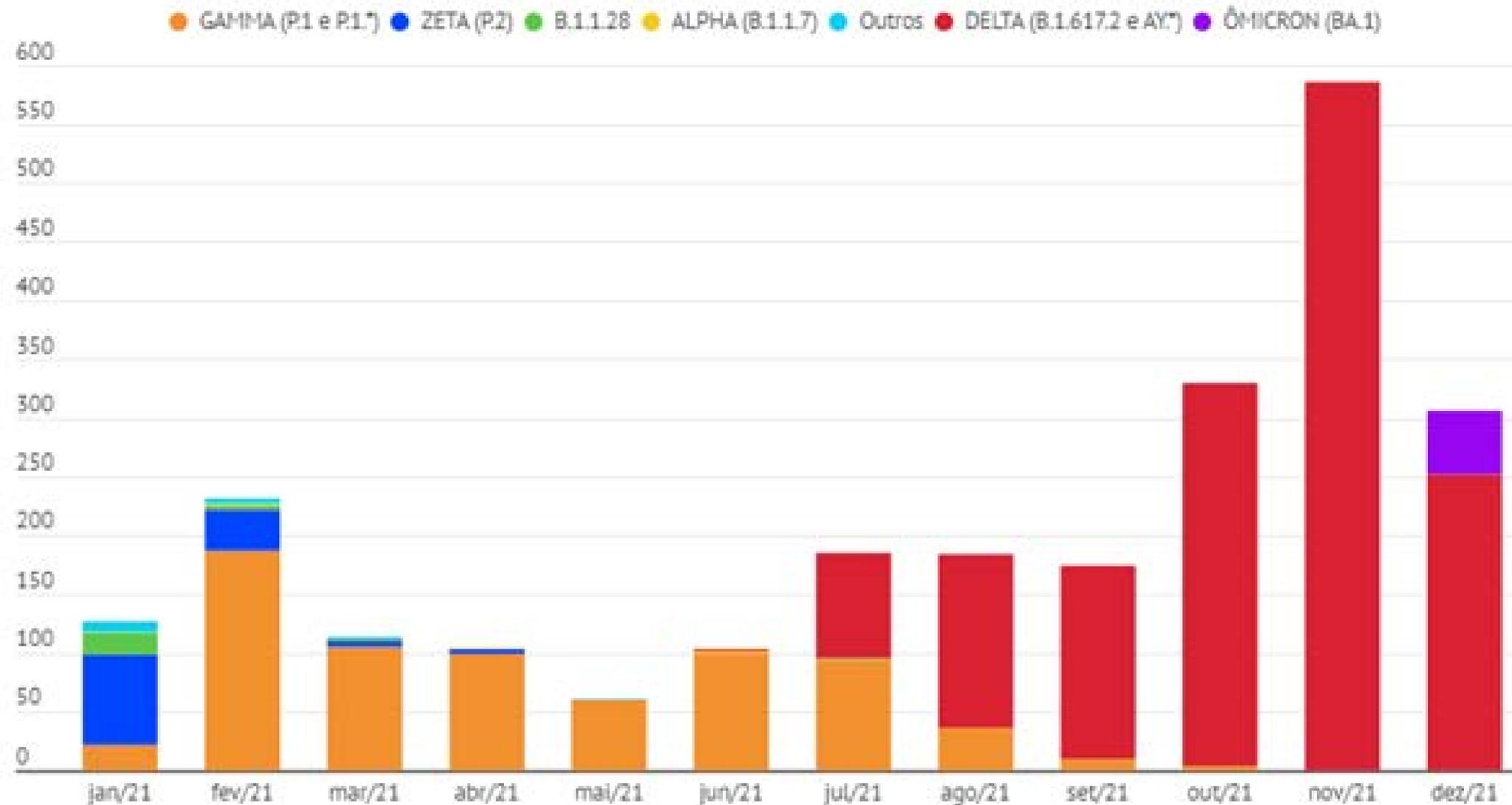
Experiências anteriores com Alfa e Delta nos levam a acreditar que somente o tempo e a vigilância nos darão mais informações sobre a transmissibilidade, eficácia da vacina e gravidade da doença causada por esta nova variante Ômicron. Já podemos afirmar que as medidas de proteção e vacinação ainda serão os elementos-chave para conter a propagação da nova variante e prevenir novas ondas de casos graves de COVID-19 e mortes.

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 50. Também 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.

No período analisado, foram sequenciados **2673** genomas completos do SARS-CoV-2, provenientes de pacientes com SARS-CoV-2 detectável por RT-qPCR, residentes em 177 municípios do Estado de Santa Catarina.

Entre a semana epidemiológica 48, quando foi relatado o sexto Boletim de Vigilância Genômica, e a semana epidemiológica 50, cujos dados são apresentados neste boletim, houve um aumento de 42,7% no número de amostras sequenciadas, totalizando 58 linhagens circulantes no estado durante o período analisado. As variantes de preocupação presentes no estado estão retratadas na **Figura 02**.

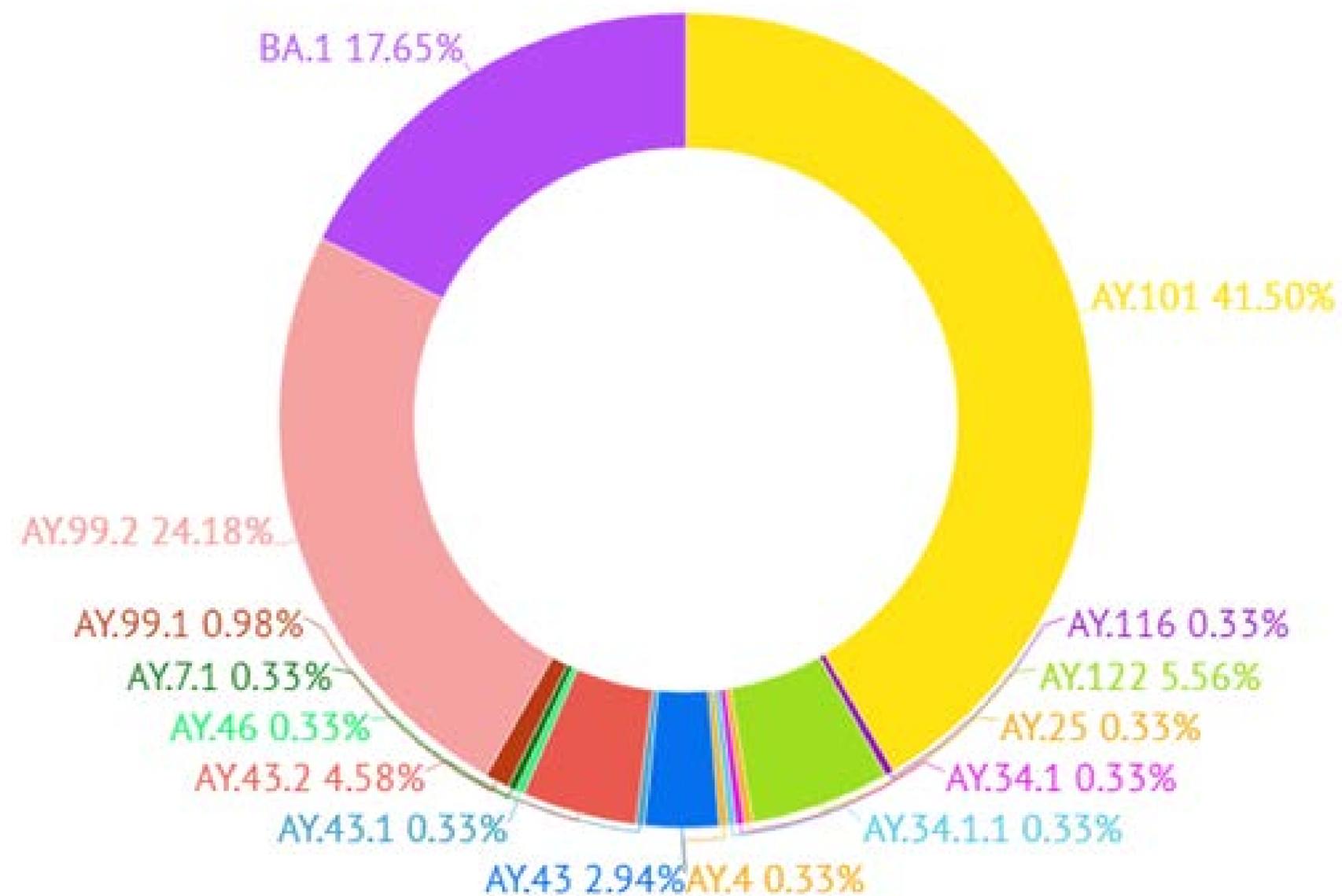
FIGURA 02: Distribuição das diferentes linhagens nos diferentes meses de coleta das amostras, em 2021



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

Desde o surgimento da VOC Delta sua prevalência só tem aumentado. Até o momento, já foi confirmada a presença de 29 sublinhagens da Delta em Santa Catarina. Em outubro e novembro houve a presença de 98,7% e 100% respectivamente da presença de Delta no Estado. Já em dezembro sua presença foi de 82% e 18% para a VOC Ômicron, contendo no total 15 linhagens diferentes em apenas 307 amostras **(Figura 03)**.

FIGURA 03: Linhagens de SARS-CoV-2 encontradas em Santa Catarina no mês de dezembro de 2021

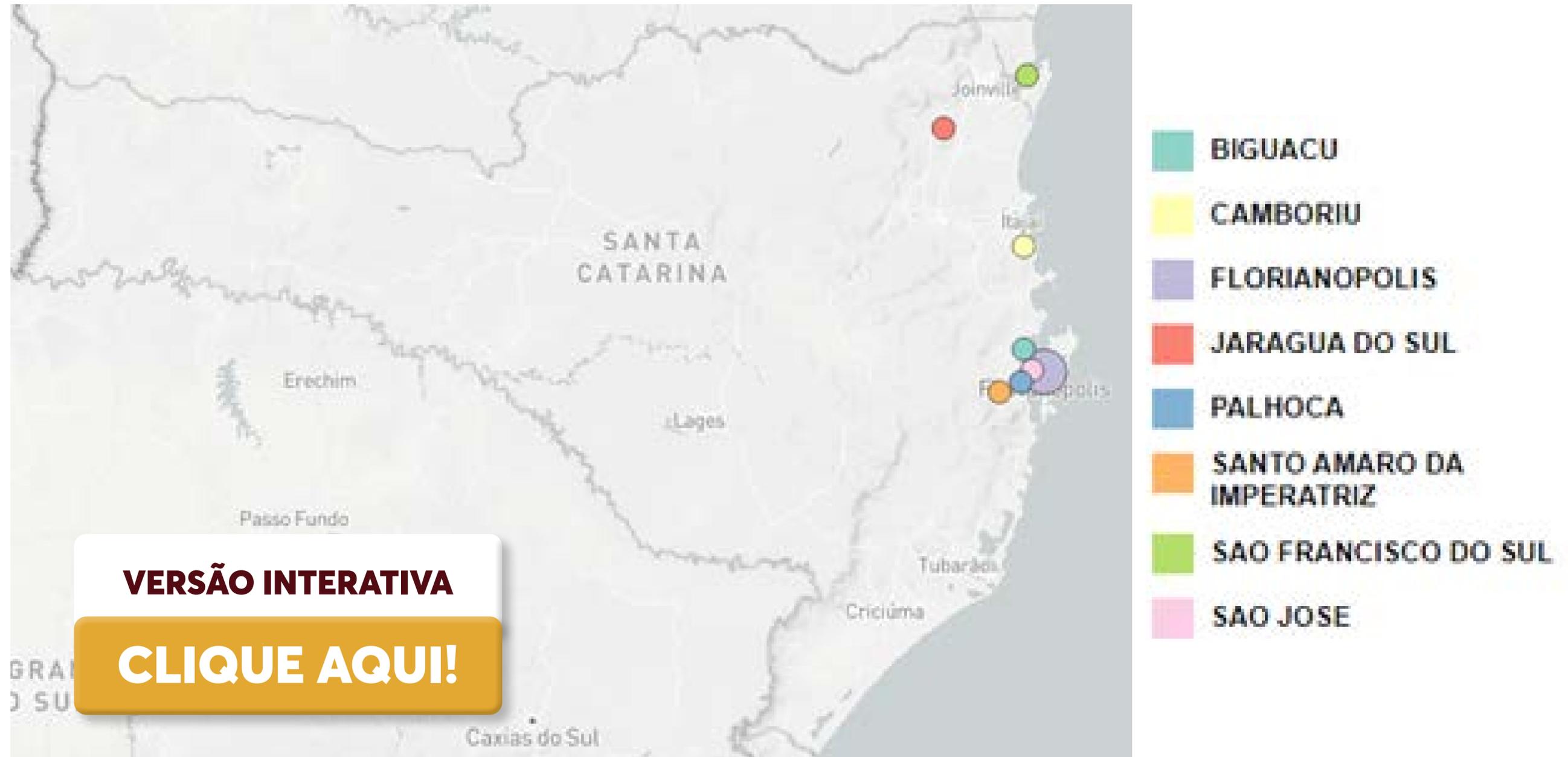


Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

Até o momento, foram confirmados por meio de sequenciamento 54 casos da VOC Ômicron em oito cidades: Biguaçu, Camboriú, Florianópolis, Jaraguá do Sul, Palhoça, Santo Amaro da Imperatriz, São Francisco do Sul e São José **(Figura 04)**, sendo Florianópolis o município com maior prevalência de casos

O primeiro caso de COVID-19 causado pela variante Ômicron que foi confirmado no Estado tratava-se de um caso importado. O paciente é um homem de 66 anos, morador de Jaraguá do Sul, que retornou de uma viagem da África do Sul. Embora este seja o primeiro caso confirmado, o surgimento da variante no estado ocorreu na semana epidemiológica 49 por uma mulher de 31 anos residente de Florianópolis.

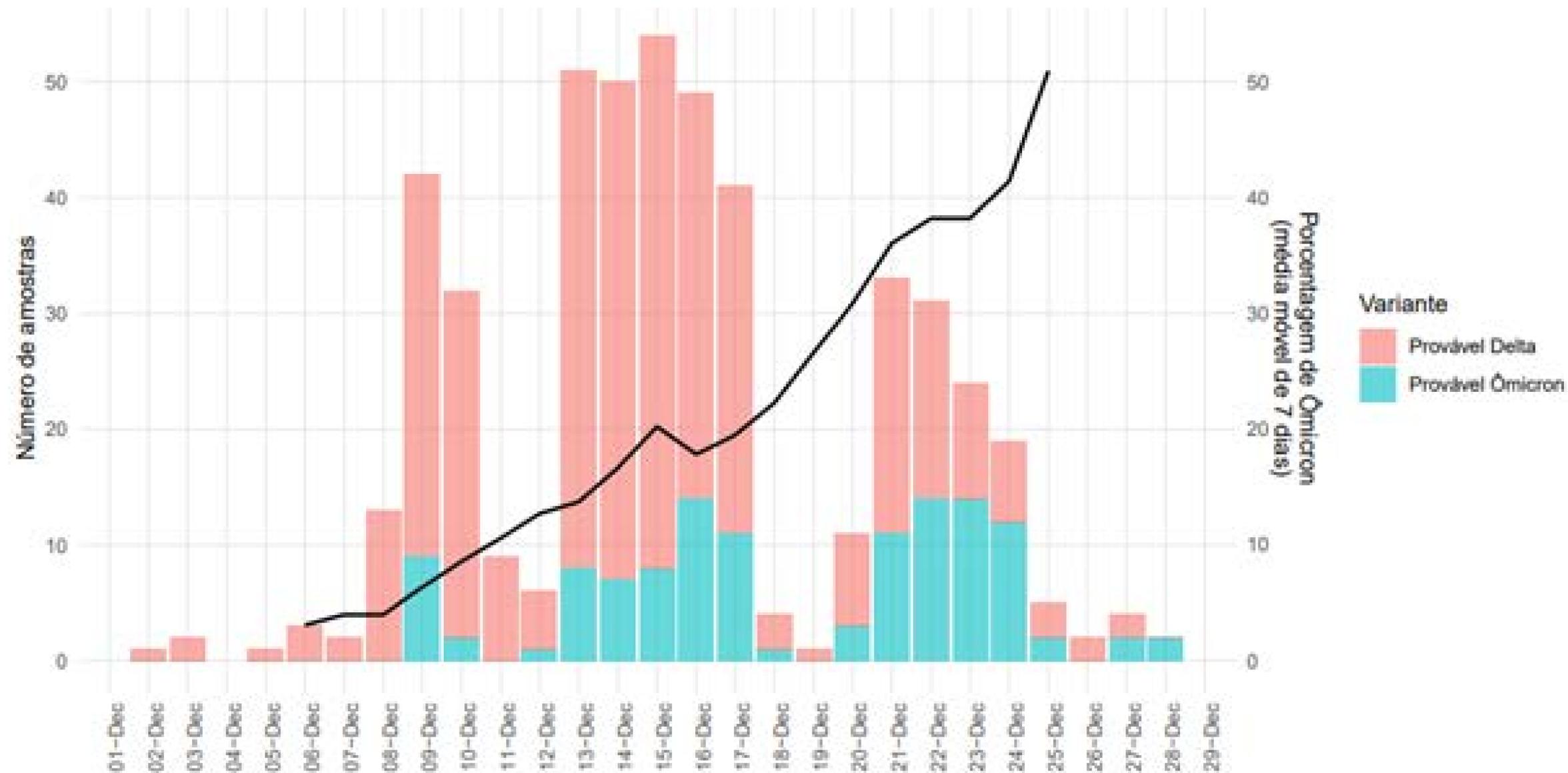
FIGURA 04: Distribuição dos casos da variante Ômicron em Santa Catarina



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

No início de dezembro de 2021, o LACEN/SC começou a realizar o RT-qPCR de inferência para VOC (Fiocruz, Bio-Manguinhos), como estratégia para avaliar a abrangência da dispersão das variantes entre os municípios do estado e o monitoramento da chegada da variante Ômicron. Entre os testes realizados a partir do RT-qPCR de inferência, 187 deram sugestivos para Ômicron (**Figura 05**), sendo que desses, 50 já foram confirmados pela FIOCRUZ através do sequenciamento. As demais suspeitas estão aguardando confirmação pelo sequenciamento.

FIGURA 05: Resultados do teste de RT-qPCR para a inferência da circulação de Ômicron no estado de Santa Catarina em dezembro de 2021. Barras verticais mostram o número de amostras testadas por dia, coloridas para a provável presença de Delta ou Ômicron (conforme legenda). A linha de tendência sobrepondo as barras mostra a porcentagem de Ômicron (média móvel de sete dias representada no eixo Y da direita do gráfico) detectada entre as amostras testadas



Fonte: FIOCRUZ

Em Santa Catarina, mais uma reinfecção foi confirmada através do sequenciamento. Um paciente residente em Chapecó teve sua primeira infecção por COVID-19 com a variante P.2 e a segunda infecção pela variante AY.99.2 Com esse novo caso Santa Catarina confirma dez casos de reinfecções. Segundo o Boletim Epidemiológico Especial nº 92 - Doença pelo Novo Coronavírus – COVID-19 publicado pelo Ministério da Saúde em 10 de dezembro de 2021, Santa Catarina é o segundo estado com mais casos de reinfecções, perdendo apenas para o estado de Goiás.

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.

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

JEFFERY-SMITH, A., ROWLAND, T.A.J., PATEL, M., et al. Reinfection with new variants of SARS-CoV-2 after natural infection: a prospective observational cohort in 13 care homes in England. **The Lancet Healthy Longevity**. v. 2, n. 12. 2021.

KARIM, S.S.A., KARIM, Q.A. Omicron SARS-CoV-2 variant: a new chapter in the COVID-19 pandemic. **The Lancet**. v. 398. n. 10317. 2021.

LIU, C., GINN, H.M., DEJNIRATTISAI, W., et al. Reduced neutralization of SARS-CoV-2 B.1.617 by vaccine and convalescent serum. **Cell**. v. 184, n.1., 2021.

THYE, A.Y-K., LOO, K-Y., TAN, K.B.C., et al. Insights into COVID-19 Delta Variant (B.1.617.2). **Progress in Microbes & Molecular Biology**. v. 4., n. 1., 2021.

ZHANG, L., LI, Q., LIANG, Z., et al. The significant immune escape of pseudotyped SARS-CoV-2 Variant Omicron. **Emerging Microbes & Infections**. preprint. 2021.

