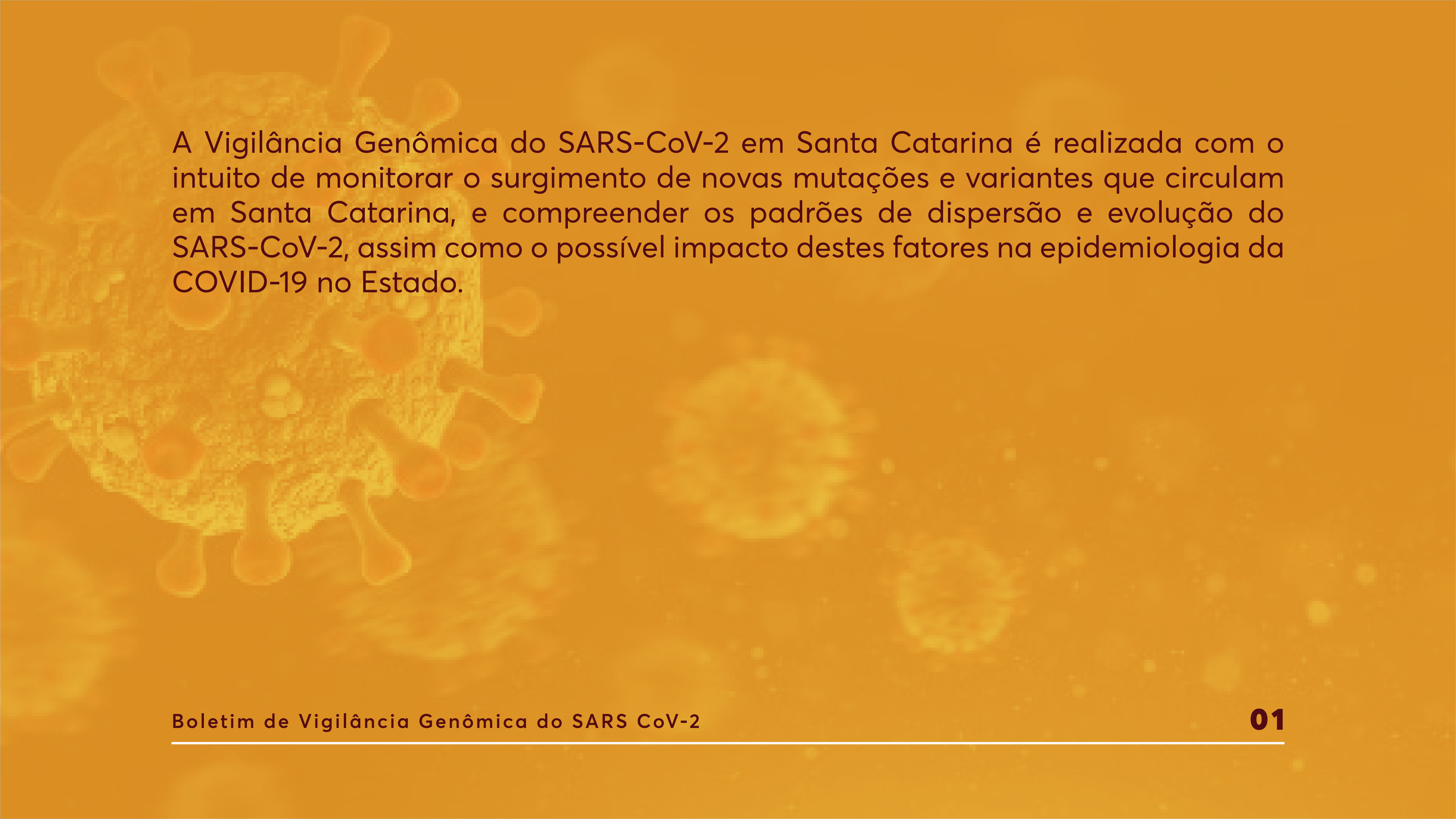




BOLETIM DE VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS CoV-2

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA N° 09
ATUALIZADO EM 18/04/2022



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

Atualmente, a Vigilância Genômica no Estado é realizada pelo Laboratório Central de Saúde Pública (LACEN/SC), integrante da Rede Genômica Nacional, com apoio do Laboratório de Referência em Sequenciamento Genômico da Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz/RJ), e conta com a colaboração do laboratório de Bioinformática da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), por meio do Projeto: "Genoma COVID SC" - Sequenciamento do genoma do SARS-CoV-2 como estratégia de saúde para avaliar a dispersão, origens e mutações da Covid-19 no Estado de Santa Catarina: Suporte à decisões governamentais e empresariais baseadas em evidências – Fase II - FAPESC Nº 06/2020 Programa de apoio a projetos de Ciência, Tecnologia, Inovação e Extensão para Ações Emergenciais aos efeitos da COVID-19 provocada pelo SARS-CoV-2, projeto este com previsão de término em junho de 2022. Além disso, são utilizadas 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.

Segunda a ecologia viral, os vírus com alta taxa de transmissão que circulam amplamente em uma população possuem maior probabilidade de sofrer mutação. 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. É o caso do SARS-CoV-2, que não possui 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 existe uma ameaça à saúde pública ou dificuldade de conter a disseminação do vírus, denomina-se de “variante de preocupação” (VOC – do inglês Variants of Concern), segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS).

Abaixo, na **Tabela 01**, são apresentadas as VOCs atualmente em circulação no mundo, reconhecidas pela Organização Mundial da Saúde (OMS). Não havendo no cenário atual no mundo, a circulação de VOI.

Tabela 01: Variantes de preocupação circulando atualmente no mundo segundo a Organização Mundial da Saúde.

RÓTULO OMS	LINHAGEM PANGO	PRIMEIRA DOCUMENTAÇÃO
Delta	B.1.617.2	Índia
Ômicron	B.1.1.529	Vários Países

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

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.

A proporção de casos confirmados de COVID-19 que são destinados ao sequenciamento genômico é um indicador importante para avaliar a capacidade da vigilância genômica em detectar novas variantes/linhagens em tempo oportuno.

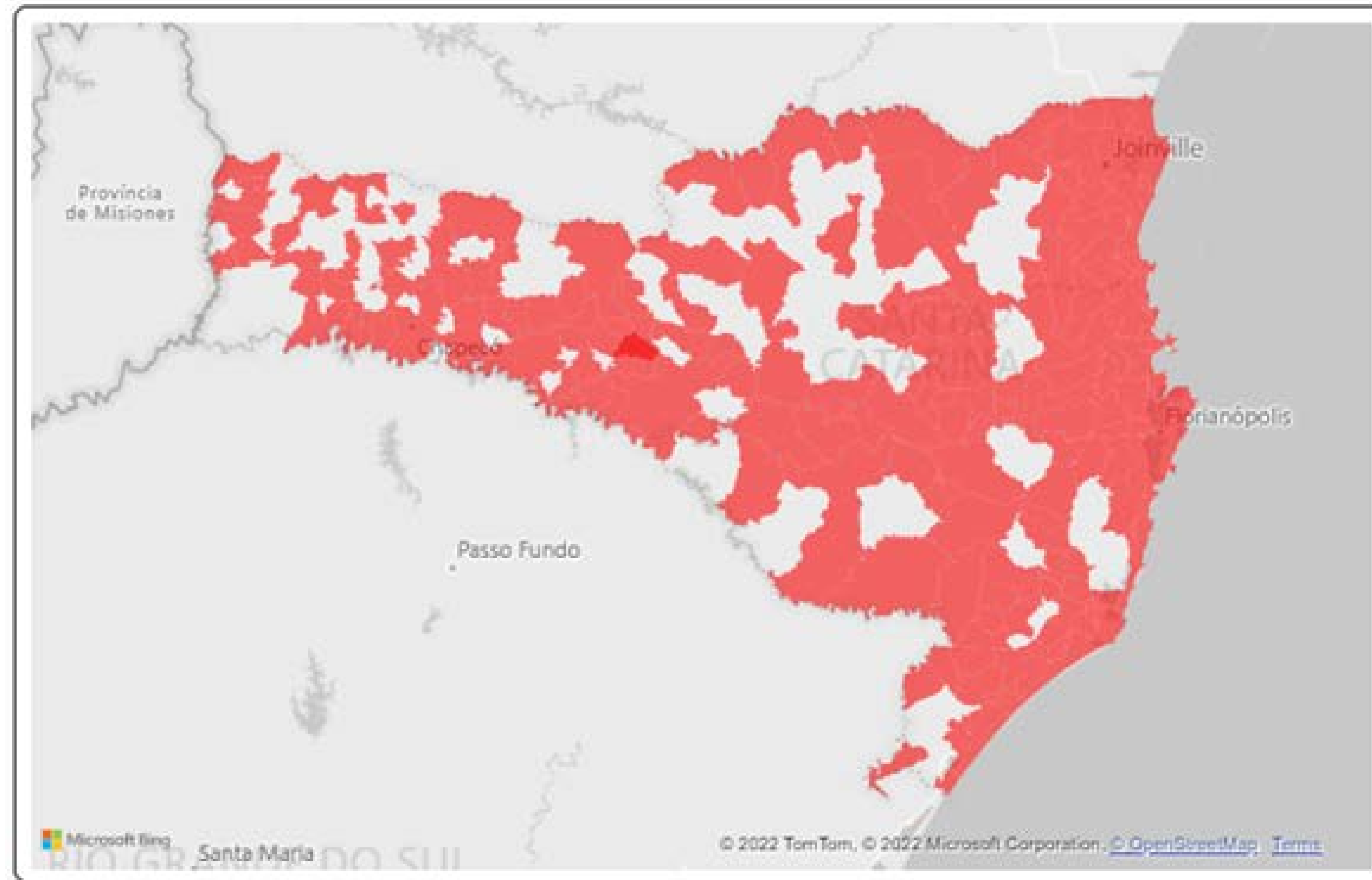
Durante o período de 2020 a 2022 foram sequenciados 4.823 genomas completos do SARS-CoV-2, provenientes de pacientes com SARS-CoV-2 detectável por RT-qPCR. Este quantitativo representa 1.121,16 genomas sequenciados/100 mil casos diagnosticados (**Figura 1**), enquanto que a média nacional é de 429 genomas sequenciados/100 mil casos (<http://www.genomahcov.fiocruz.br>). A amostragem compreende as coletas realizadas em 201 municípios de Santa Catarina, com pacientes residentes em 232 municípios do Estado. A cobertura de municípios contemplados pela Vigilância Genômica está demonstrada na **Figura 2**.

FIGURA 01: Dados quantitativos da Vigilância Genômica em Santa Catarina.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

FIGURA 02: Mapa de cobertura de Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 em Santa Catarina. 2020-2022. LACEN/SC.

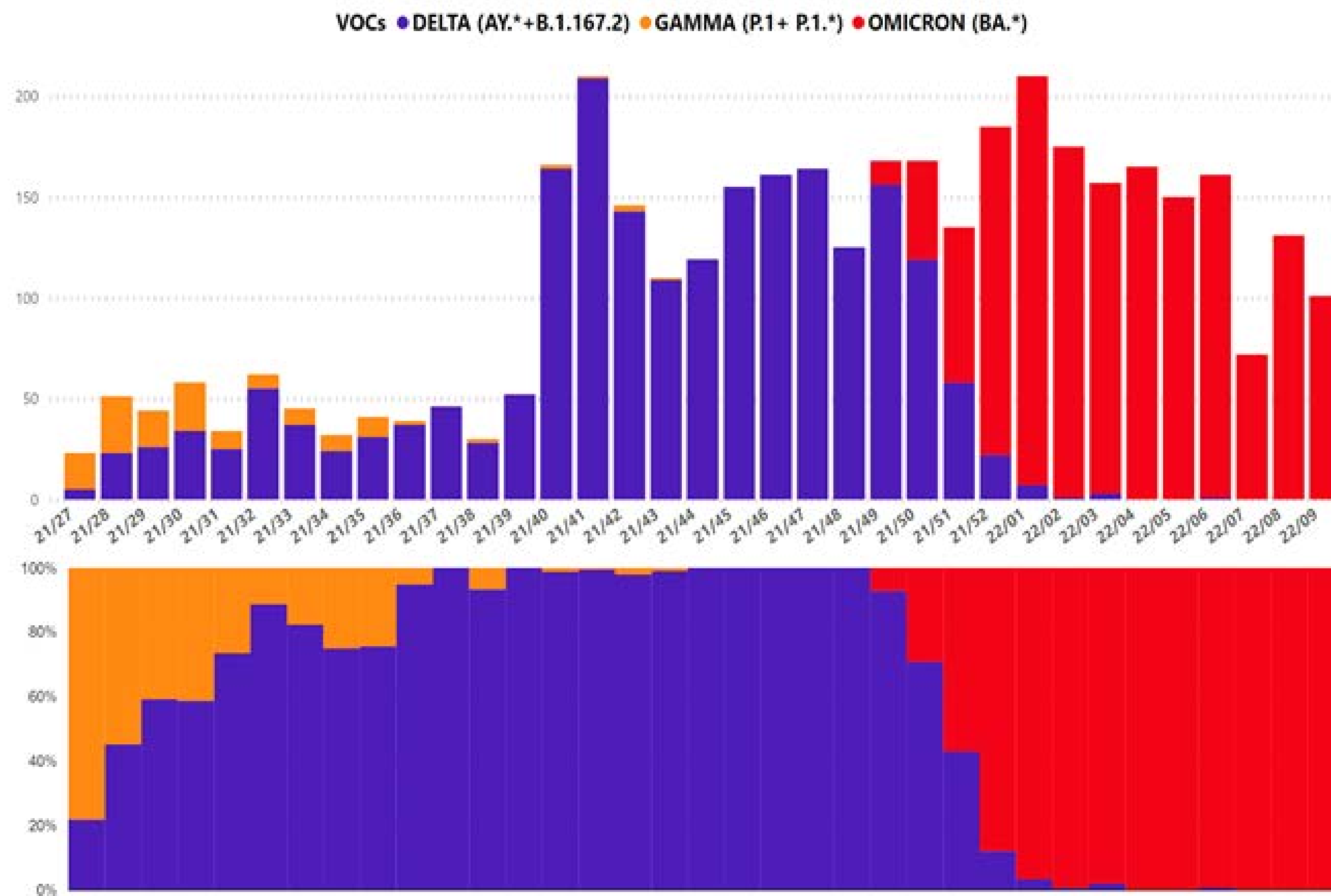


Neste Boletim, são apresentados os resultados dos sequenciamentos de genomas completos do SARS-CoV-2 da Semana Epidemiológica (SE) 04/2022 até a 09/2022 (até 05/03/2022), analisados pelos laboratórios que compõem a Rede Estadual de Vigilância Genômica como descrito acima.

Após o Boletim Genômico número 09 até o momento atual, houve um aumento de 1480 amostras sequenciadas, com incremento relativo de 44,27%. No período descrito circularam 17 linhagens no Estado. As VOCs presentes no Estado estão evidenciadas na **Figura 03**, e sua distribuição nas macrorregionais de saúde de Santa Catarina são observadas na **Figura 04**.

A VOC Ômicron é atualmente a variante dominante que circula globalmente, respondendo por quase todas as sequências relatadas ao GISAID. É possível verificar na Figura 03 o desaparecimento de variantes conforme surgem novas VOCs em Santa Catarina. O domínio absoluto da variante da Ômicron ocorreu a partir da SE 04/2022.

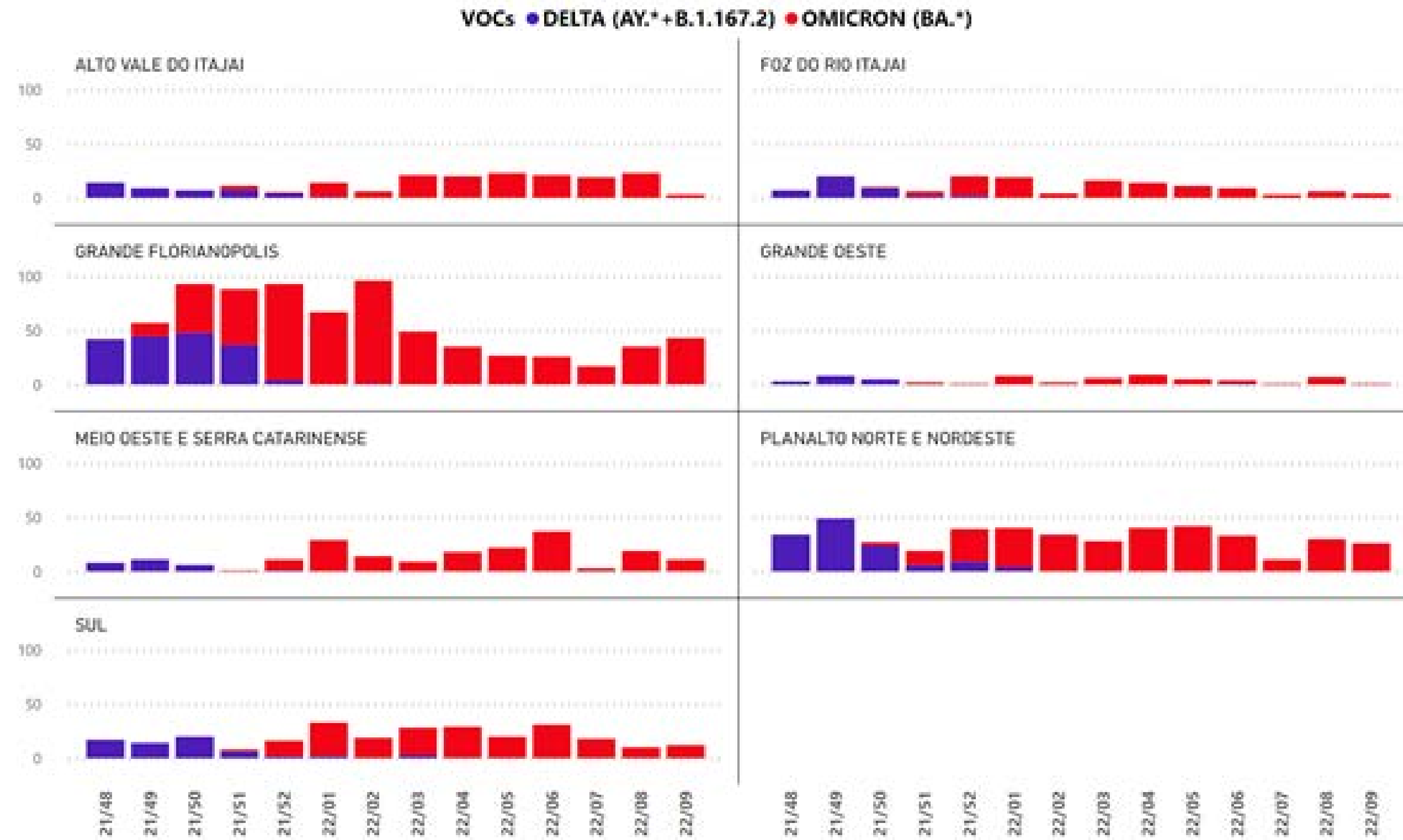
FIGURA 03: Distribuição absoluta e relativa das VOCs de junho de 2021 a março de 2022 em Santa Catarina. LACEN/SC.



A **Figura 4** demonstra a distribuição das análises genômicas realizadas por macrorregionais de saúde de Santa Catarina, onde é possível observar a dinâmica da variante Ômicron. A introdução desta variante ocorreu na semana epidemiológica 49/2021 na Grande Florianópolis, seguindo para Foz do Rio Itajaí e Planalto Norte e Nordeste na semana 50/2021. A partir da semana 51/2021 a variante foi identificada em todas as 7 macrorregionais de saúde do Estado, mostrando o grande potencial de transmissibilidade desta variante.

É importante observar a diferença do volume de amostras analisadas entre os municípios das macrorregionais de saúde do Estado, considerando as diferenças populacionais. Os baixos números evidentes nas regiões da Foz do Rio Itajaí, do Alto Vale do Itajaí e Grande Oeste, podem estar relacionadas à forma utilizada para o diagnóstico da COVID-19 nestes locais, os quais priorizam o teste rápido ou uso do sistema de saúde privado, sem captação de amostras pelo LACEN para o monitoramento genômico. Este aspecto pode ser observado nas regiões em branco no mapa de cobertura na **Figura 2**.

FIGURA 04: Distribuição absoluta das VOCs de junho de 2021 a março de 2022 por Macrorregional de Saúde em Santa Catarina. LACEN/SC.

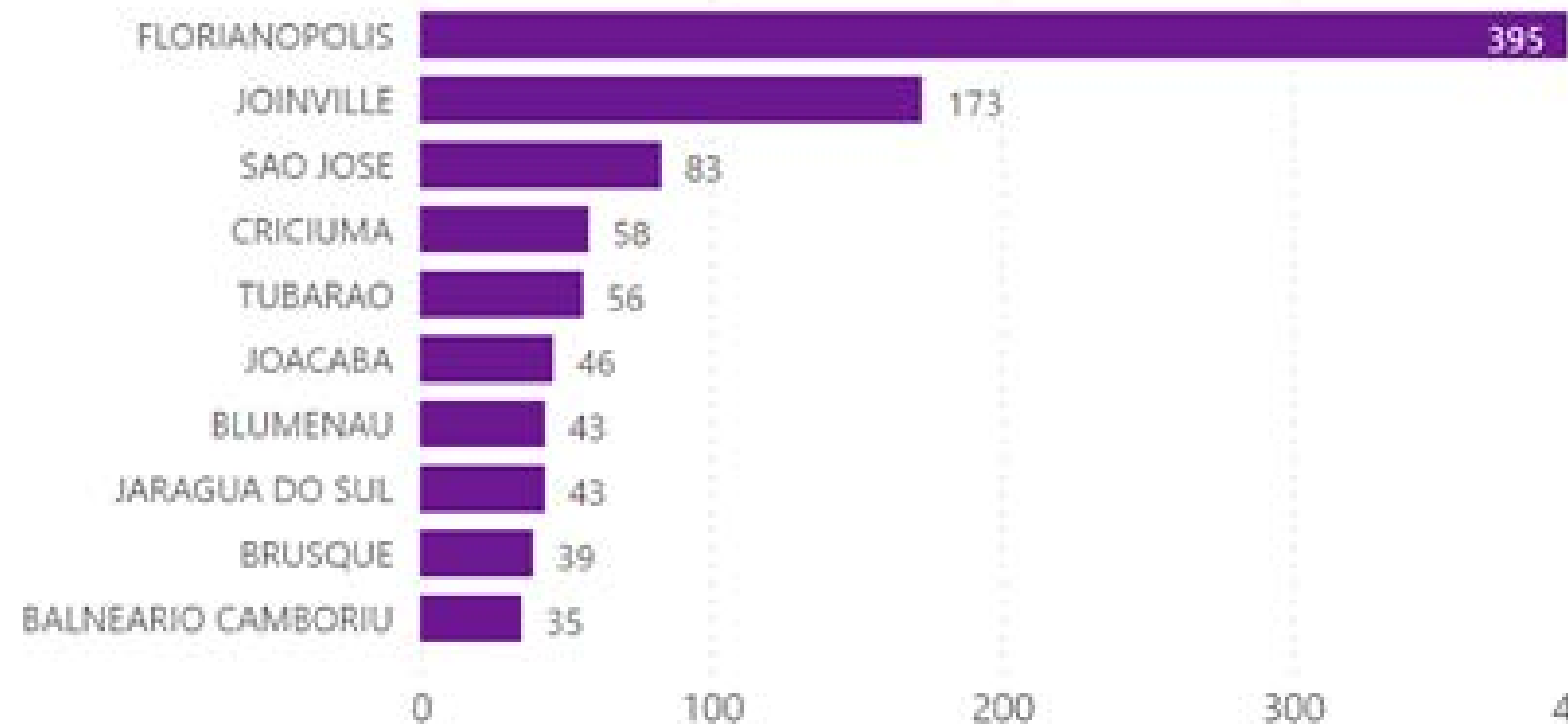


Entre os 119 municípios do Estado onde foram encontrados a variante Ômicron, Florianópolis, Joinville e São José são os municípios com maior prevalência de casos confirmados. Vidal Ramos, Irineópolis e Joaçaba apresentam os maiores números quando analisada a incidência ponderada por 100 mil habitantes dos municípios. A **Figura 5** indica os 10 primeiros municípios a partir da (A) distribuição absoluta e (B) distribuição ponderada por 100 mil habitantes.

FIGURA 05: Distribuição absoluta (A) e ponderada pela população (B) da variante Ômicron até a semana epidemiológica 09 de 2022 em Santa Catarina.

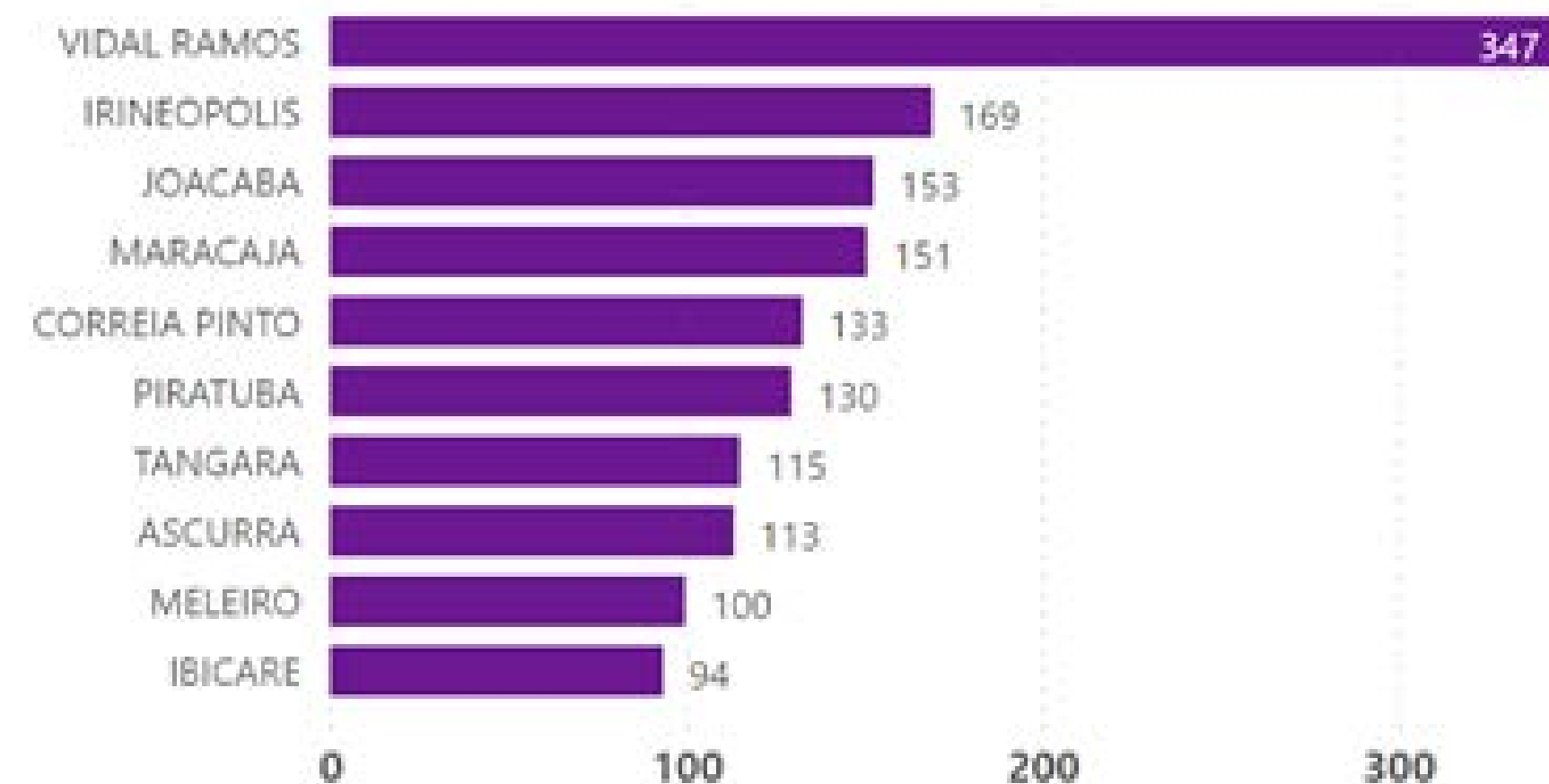
Nº Amostras	Nº Amostras/100 mil habitantes	Município de coleta
395	79	FLORIANOPOLIS
173	29	JOINVILLE
83	34	SAO JOSE
58	27	CRICIUMA
56	53	TUBARAO
46	153	JOACABA
43	12	BLUMENAU
43	24	JARAGUA DO SUL
39	29	BRUSQUE

(A)



Nº Amostras	Nº Amostras/100 mil habitantes	Município de Coleta
22	347	VIDAL RAMOS
19	169	IRINEOPOLIS
46	153	JOACABA
11	151	MARACAJA
17	133	CORREIA PINTO
5	130	PIRATUBA
10	115	TANGARA
9	113	ASCURRA
7	100	MELEIRO

(B)



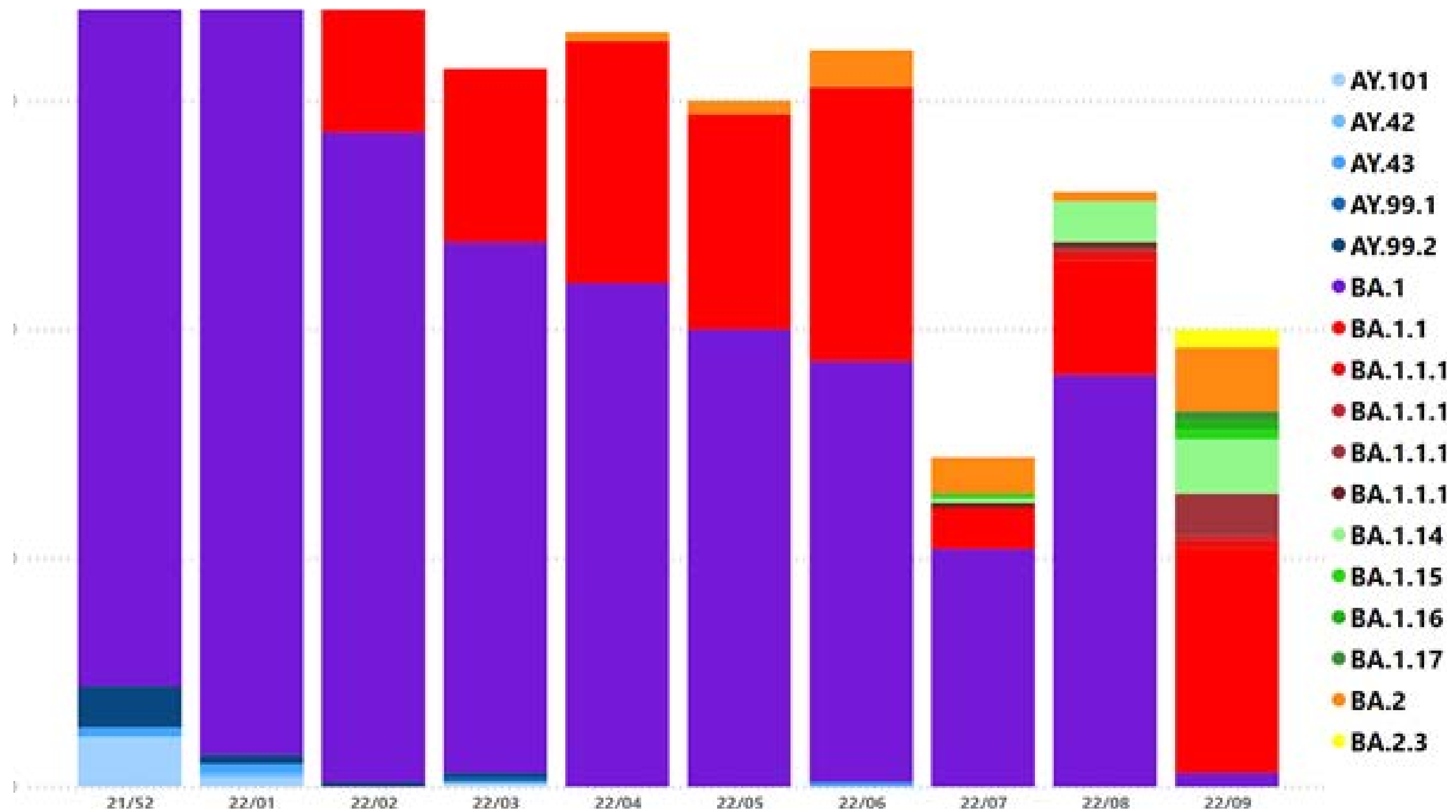
Até o momento, foram confirmados por meio de sequenciamento 1611 casos da VOC Ômicron, sendo 1167 amostras da linhagem BA.1, 365 amostras da linhagem BA.1.1, 38 amostras da linhagem BA.2 e 41 de outras BA.*.

Com o surgimento da Ômicron em dezembro, a Delta quase foi eliminada por completo no mês de janeiro, sendo AY.101, AY.42, AY.43, AY.99.1 e AY.99.2 as linhagens da Delta ainda presentes (Figura 6).

O sistema de classificação Pangolin para a VOC Ômicron foi reestruturado para sua versão 4.0, e atualmente temos 42 linhagens de Ômicron (https://cov-lineages.org/lineage_list.html). Em Santa Catarina foram identificadas até o momento 12 diferentes linhagens (**Figura 6**).

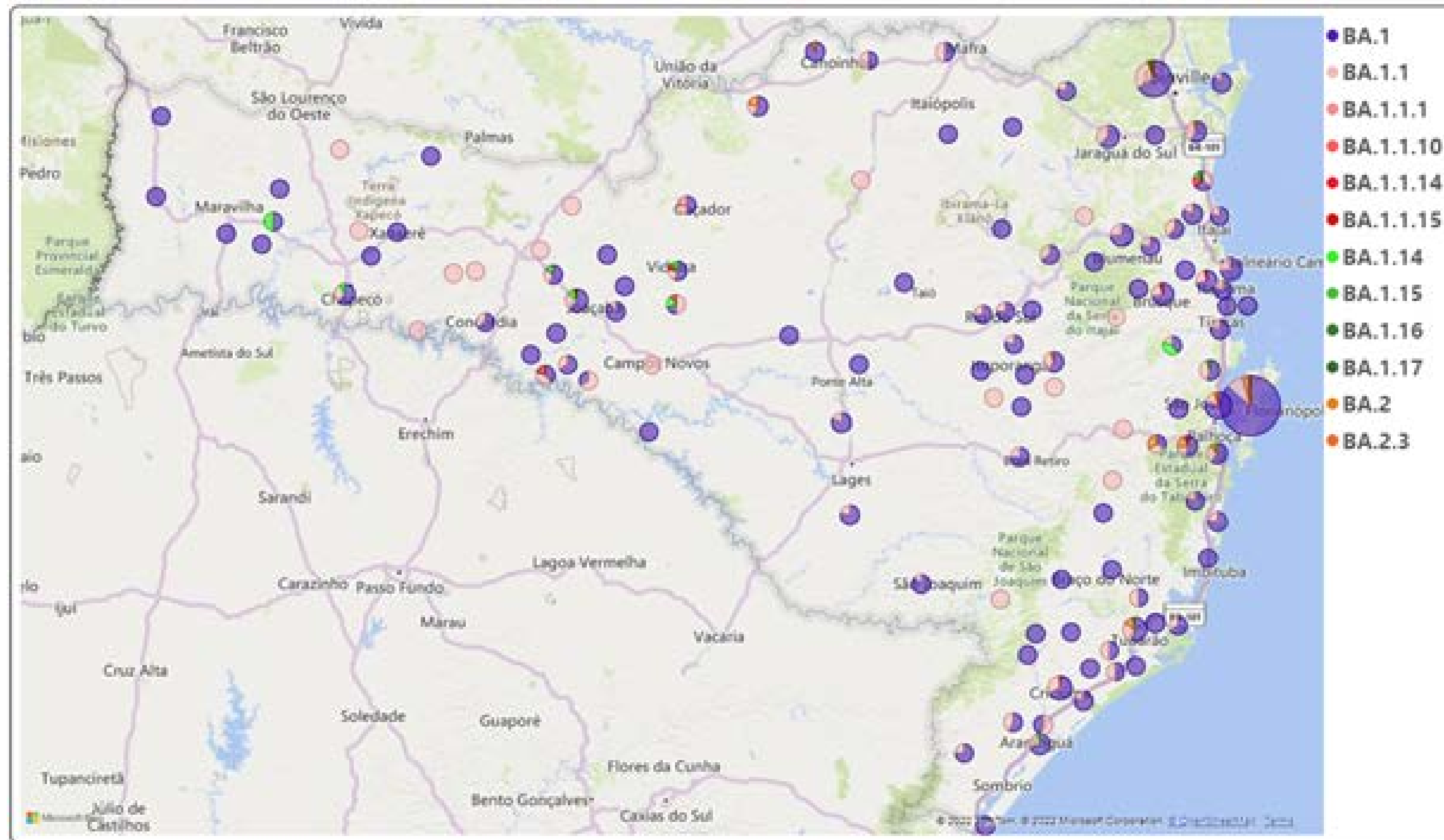
A variante BA.2 difere de BA.1 em sua sequência genética, incluindo algumas diferenças de aminoácidos na proteína Spike e outras proteínas. Estudos mostraram que BA.2 tem uma vantagem de expansão sobre BA.1. Há pesquisas em andamento para entender as razões dessa vantagem de crescimento, mas dados iniciais sugerem que BA.2 tem mostrado ser mais transmissível do que BA.1, que atualmente continua sendo a linhagem da Ômicron predominante. Esta diferença de transmissibilidade parece ser muito menor do que, por exemplo, a diferença entre BA.1 e Delta. Em concordância com o que aconteceu em países da Europa e nos Estados Unidos observa-se no Estado as substituições da BA.1 pelas BA.1.1, BA.1.*, BA.1.1* e BA.2 (**Figura 6**).

FIGURA 06: Linhagens de SARS-CoV-2 encontradas em Santa Catarina por semana epidemiológica no ano de 2022.



O primeiro registro da linhagem BA.2 foi em 12 de janeiro na SE 02 em Florianópolis, mas seu aumento está sendo demonstrado ao longo das semanas epidemiológicas. Os 38 registros da BA.2 foram encontrados nos seguintes municípios: Florianópolis (31,6%), Tubarão (18,4%), Irineópolis e Santo Amaro da Imperatriz (10,5%), São José (7,9%), Palhoça (5,3%) e com 2,6% dos casos estão os municípios de Águas Mornas, Araquari, Criciúma, Joinville, Canoinhas e Vidal Ramos.

FIGURA 07: Distribuição das linhagens da variante Ômicron em Santa Catarina 2021/2022 – LACEN/SC.



Foram confirmadas 29 reinfecções de SARS-CoV-2 entre residentes de Santa Catarina. As amostras com suspeita de reinfecções de indivíduos com dois resultados positivos de RT-PCR 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. Dessas 29 reinfecções confirmadas, 19 reinfecções foram pela VOC Ômicron, 5 pela VOC Delta, 4 pela VOC Gama e 1 pela B.1.1.28. Segundo o Boletim Epidemiológico Especial N° 106 do Ministério da Saúde, Santa Catarina é o Estado com mais reinfecções registradas e notificadas.

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 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.

