



BOLETIM DE VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS CoV-2

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA N° 34
ATUALIZADO EM 22/09/2021

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 a compreensão dos padrões de dispersão e evolução do SARS-CoV-2 durante a pandemia em curso e o possível impacto na epidemiologia da COVID-19.

A Vigilância Genômica no estado é formada pelo Laboratório de Referência em Sequenciamento Genômico - Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz/RJ), responsável por 74% das análises, e por laboratórios parceiros, como o laboratório de Bioinformática da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC) e a Fundação Ezequiel Dias (FUNED) em Minas Gerais, responsáveis por 21% e 5% das amostras, respectivamente.

Devido à falta de um mecanismo de reparo de incompatibilidade, o processo de replicação do SARS-CoV-2 é acompanhado por uma alta taxa de mutação. 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 VOCs e VOIs reconhecidas pela Organização Mundial da Saúde.

TABELA 01: Rótulo para variantes de preocupação e variantes de interesse do SARS-CoV-2 segundo 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
VOI		
Eta	B.1.526	Vários Países
Iota	B.1.526	Estados Unidos
Kappa	B.1.627.1	Índia
Lambda	C.37	Peru
Mu	B.1.621	Colômbia

Em 30 de agosto de 2021, foi classificada a variante B.1.621, também conhecida como variante Mu, como uma variante de interesse. A variante Mu contém mutações que indicam propriedades potenciais de escape imunológico, devido à redução na capacidade de neutralização de soros convalescentes. Desde sua primeira identificação na Colômbia em janeiro de 2021, houve alguns relatos esporádicos de casos da variante Mu e alguns surtos maiores foram relatados em outros países da América do Sul e na Europa. No entanto, são necessários mais estudos para compreender as características fenotípicas e clínicas desta variante.

Foram sequenciados 1177 genomas completos do SARS-CoV-2 provenientes de pacientes com SARS-CoV-2 detectável por RT-qPCR, residentes em 170 municípios do estado de Santa Catarina.

Entre a semana epidemiológica 31, quando foi relatado o quarto Boletim de Vigilância Genômica, e a semana epidemiológica 34, que confere os dados deste boletim, houve um aumento de 23% no número de amostras sequenciadas, totalizando 30 linhagens circulantes no estado durante o período analisado **(Figuras 01 e 02)**.

FIGURA 01: Proporção das diferentes linhagens do vírus SARS-CoV-2 circulantes no Estado, em 2020 e 2021.

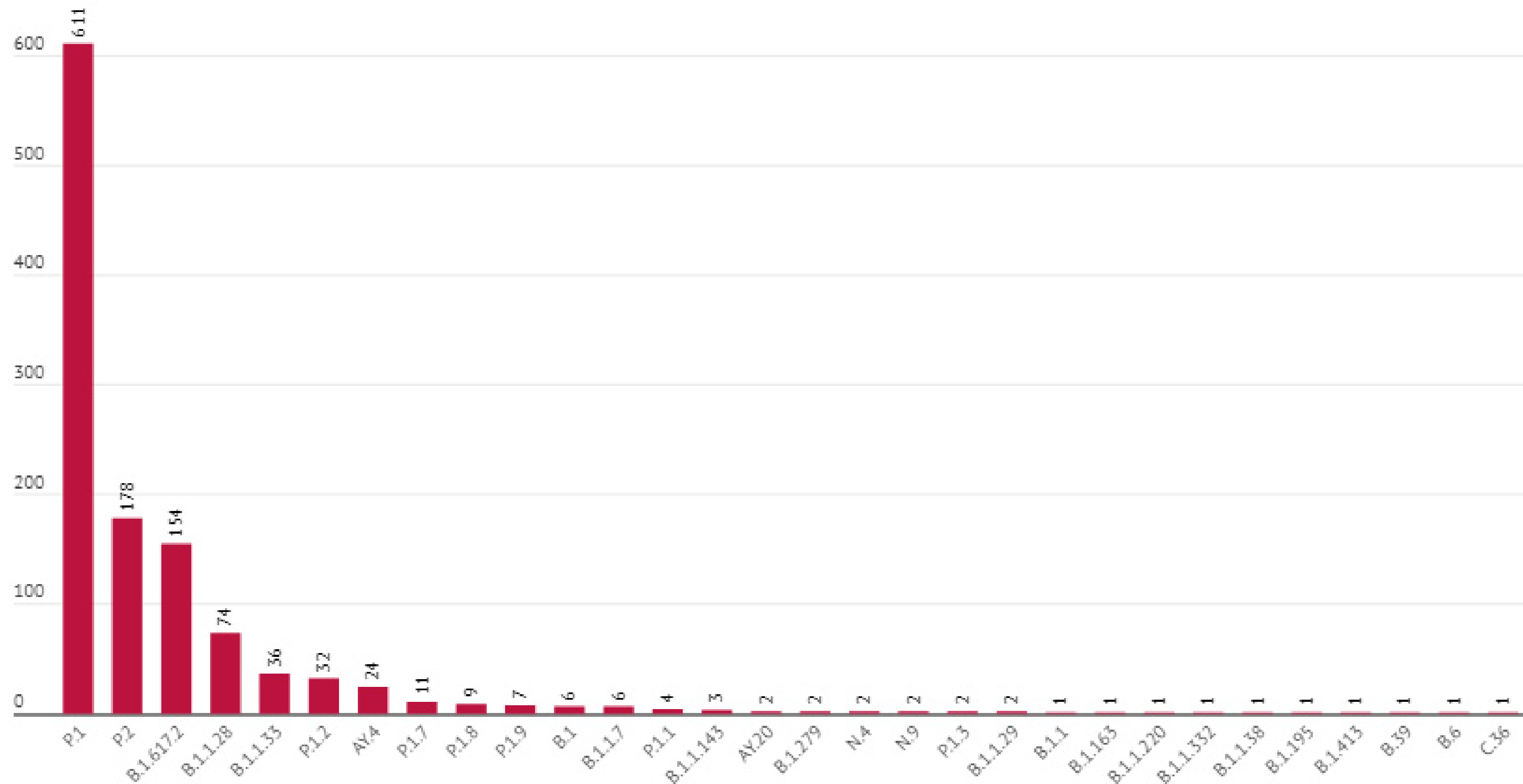
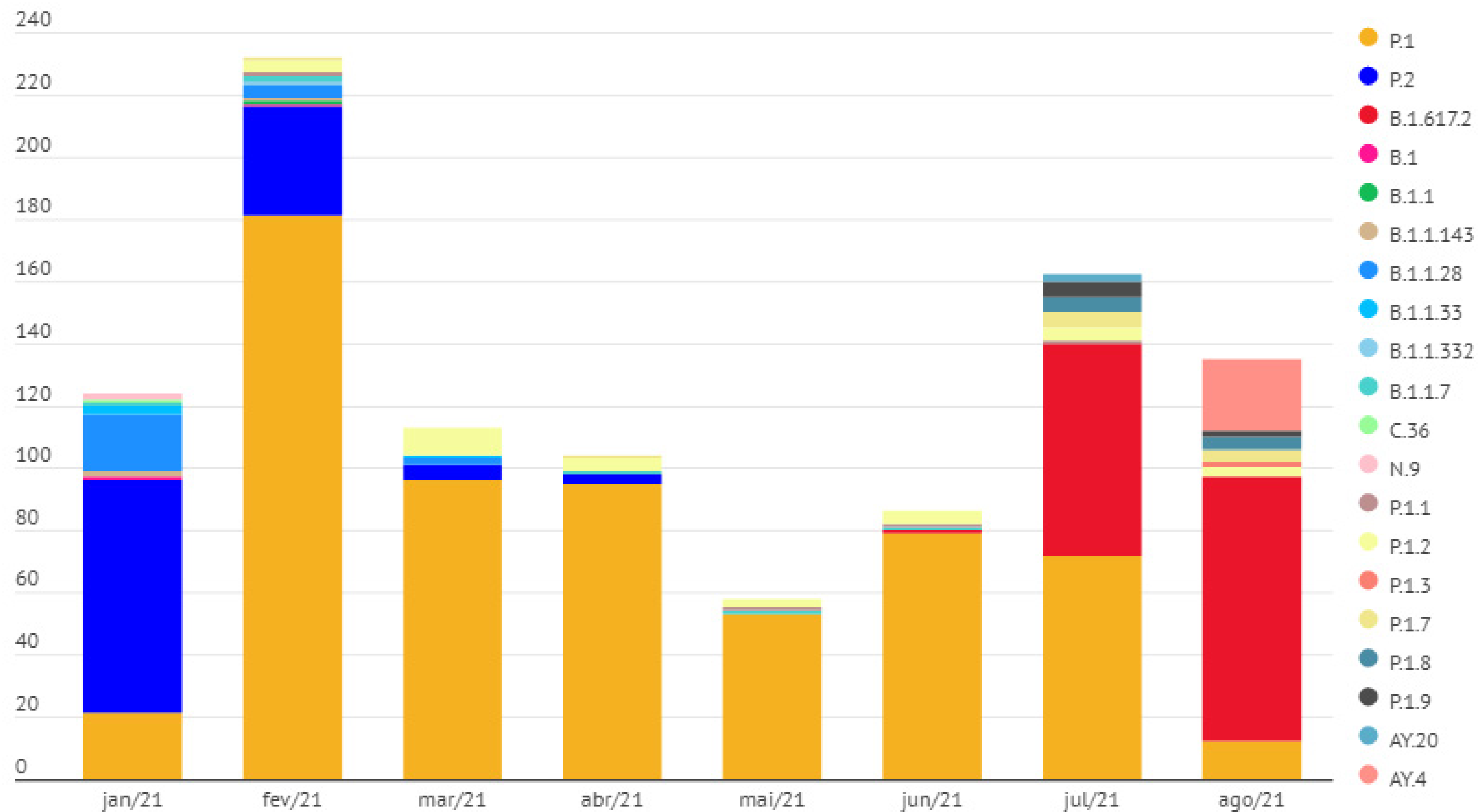


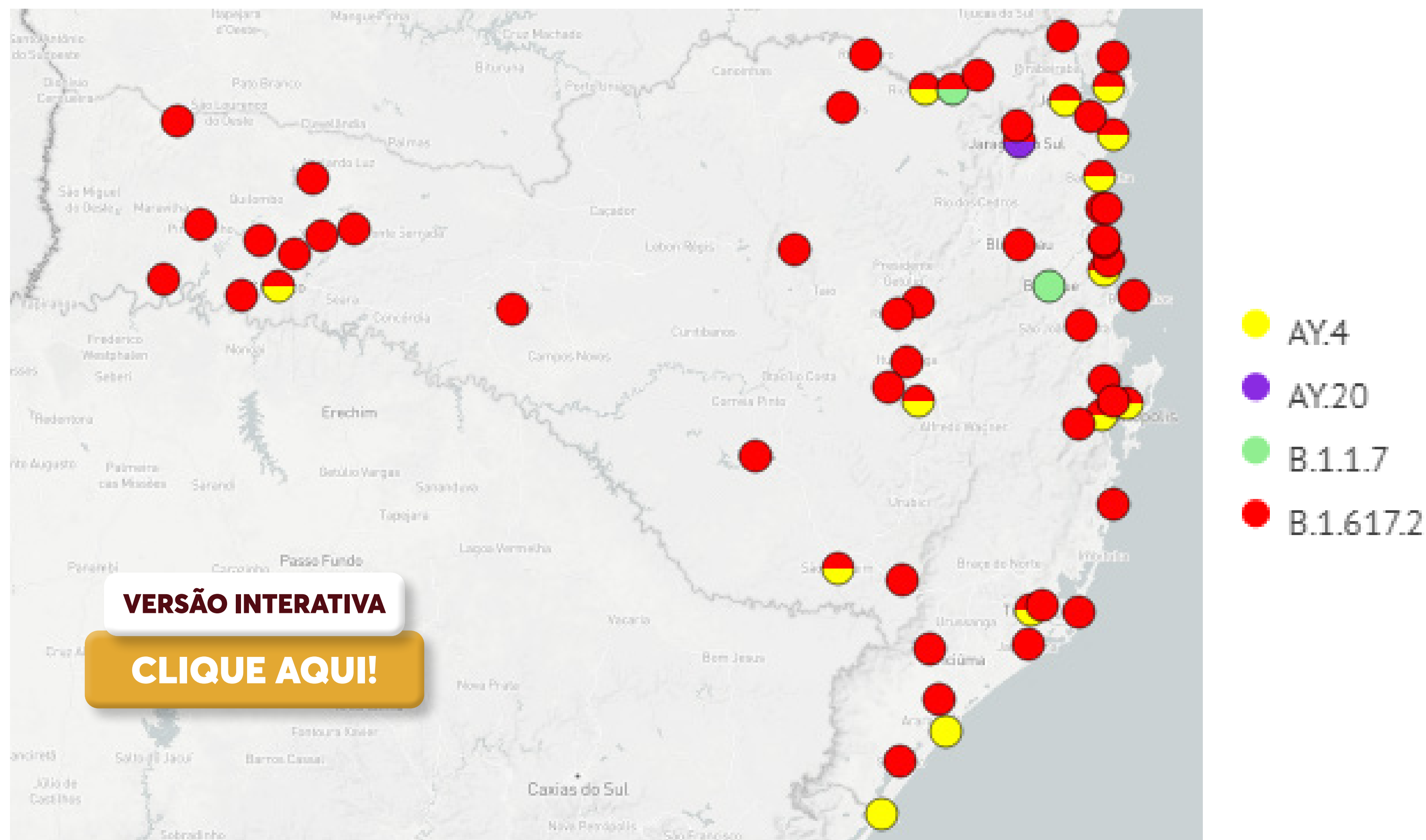
FIGURA 02: Distribuição das diferentes linhagens nos diferentes meses de coleta das amostras, em 2021.



A **Figura 02** mostra o perfil das variantes do SARS-CoV-2 circulantes no Estado de janeiro a agosto de 2021. A variante Gama (P.1) se dispersou ao longo dos meses do ano se tornando predominante até o surgimento da variante Delta (B.1.617.2), no final de junho. Nos meses de julho e agosto uma parte da seleção das amostras para sequenciamento foi guiada pelos resultados sugestivo de Delta no RT-qPCR de inferência para VOC (Fiocruz, Bio-Manguinhos), como estratégia para avaliar a abrangência da dispersão desta variante entre os municípios do Estado, depois do aparecimento dos primeiros casos. O que confirmou a presença de Delta em 57 municípios do Estado, como evidenciado na **Figura 03**.

A **Figura 03** mostra a distribuição das variantes de preocupação Alfa e Delta, bem como assublinhagens de Delta (AY.4 e AY.20) nos municípios do Estado, com predomínio dos casos na região litorânea, seguida pela região oeste.

FIGURA 03: Distribuição das VOC Alfa (B.1.1.7) e Delta (B.1.617.2, AY.4 e AY.20) em Santa Catarina, 2021.



Algumas sublinhagens da variante Delta foram observadas. As sublinhagens de variantes são um fenômeno que faz parte da evolução viral e está relacionado à taxa de replicação da doença. Quanto mais o vírus se multiplica, mais rápido é o processo de evolução. Duas sublinhagens da variante Delta foram evidenciadas em Santa Catarina, a AY.4 e AY.20. Não foram observadas diferenças biológica e funcional de B.1.617.2 para a AY.4 (B.1.617.2.4) e a AY.20 (B.1.617.2.20).

A variante Gama (P.1) também tem gerado novas sublinhagens e que estão presentes no Estado, como a P.1.1, P.1.2, P.1.3, P.1.7, P.1.8, P.1.9. Não se sabe ainda se elas têm resultados clínicos piores do que sua variante anterior.

A taxa de mutação no SARS-CoV-2 é de cerca de 10⁴ substituição de pares de bases por ano, e possíveis variações podem aparecer durante a replicação do genoma viral. Mutações virais são eventos probabilísticos por meio da transmissão aleatória entre pessoas infectadas. A carga viral é variável e depende de fatores como o curso da infecção e a imunidade do hospedeiro. Alguns indivíduos contribuem para uma maior propagação do vírus, o que significa que as variáveis comportamentais e ambientais são relevantes para a infectividade, aumentando o sucesso da transmissão.

Variantes do SARS-CoV-2 que mostram maior transmissibilidade ou escape da imunidade derivada da vacina, mesmo parcialmente, podem gerar grandes ondas de infecção, que podem sobrecarregar os sistemas de saúde. A identificação precoce e o controle de VOCs são, portanto, essenciais para minimizar seu impacto.

Em Santa Catarina mais uma reinfeção foi confirmada através do sequenciamento. Um paciente de Chapecó teve sua primeira infecção pela variante P.1 e a segunda infecção por B.1.617.2, (variante Delta) totalizando 6 casos confirmados de reinfeção no Estado.

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 fornecem 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. O LACEN/SC em breve estará realizando a análise genômica por sequenciamento de genoma completo dos vírus circulantes no Estado e com isso poderá estabelecer estratégias de vigilância e prevenção mais ágeis e oportunas.

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.

Notifique a identificação de variantes de interesse e de preocupação pelo e-mail:
genomicalacensc@gmail.com

A notificação é obrigatória e auxilia na adoção de medidas de vigilância em saúde.

REFERÊNCIAS

SOUZA, U.J.B., SANTOS, R.N., CAMPOS, F.S. et al. High rate of mutational events in SARS-CoV-2 genomes across Brazilian geographical regions, February 2020 to June 2021. bioRxiv. 2021.

AY.2 Lineage Report. Alaa Abdel Latif, Julia L. Mullen, Manar Alkuzweny, Ginger Tsueng, Marco Cano, Emily Haag, Jerry Zhou, Mark Zeller, Emory Hufbauer, Nate Matteson, Chunlei Wu, Kristian G. Andersen, Andrew I. Su, Karthik Gangavarapu, Laura D. Hughes, and the Center for Viral Systems Biology. outbreak.info. Disponível em <<https://outbreak.info/situation-reports?pango=AY.2>>. Acesso em 16 Setembro de 2021.

New AY lineages. Pango Network. Disponível em: <<https://www.pango.network/new-ay-lineages/>>. Acesso em: 16 de setembro de 2021.

