



BOLETIM DE VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS CoV-2

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA N° 38
ATUALIZADO EM 08/11/2021

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 78% 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 (OMS).

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
VOI		
Lambda	C.37	Peru
Mu	B.1.621	Colômbia

Além das classificações VOC e VOI foi criada a “variante sob monitoramento” (VUM - do inglês Variants Under Monitoring). Essa classificação está relacionada a variante do SARS-CoV-2 com alterações genéticas suspeitas de afetar as características do vírus com alguma indicação de que pode representar um risco futuro, mas a evidência de impacto fenotípico ou epidemiológico não está clara no momento, exigindo monitoramento aprimorado e avaliação repetida até novas evidências.

As variantes VUM podem evoluir rapidamente e podem ser adicionadas ou removidas dessa classificação. Devido a isso, a Organização Mundial da Saúde não atribui rótulos. Antigos VOIs e VOCs podem ser monitorados por um período prolongado sob esta categoria e manterão o rótulo da OMS atribuído até novo aviso. Até o período em que foi escrito este boletim, há 16 variantes sob monitoramento.

Foram sequenciados 1326 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 34, quando foi relatado o quinto Boletim de Vigilância Genômica, e a semana epidemiológica 38, que confere os dados deste boletim, houve um aumento de 12% no número de amostras sequenciadas, totalizando 35 linhagens circulantes no estado durante o período analisado. As variantes de preocupação presentes no estado estão retratadas nas **Figuras 01 e 02**.

FIGURA 01: Proporção das variantes de preocupação (VOCs) de SARS-CoV-2 circulantes no Estado.

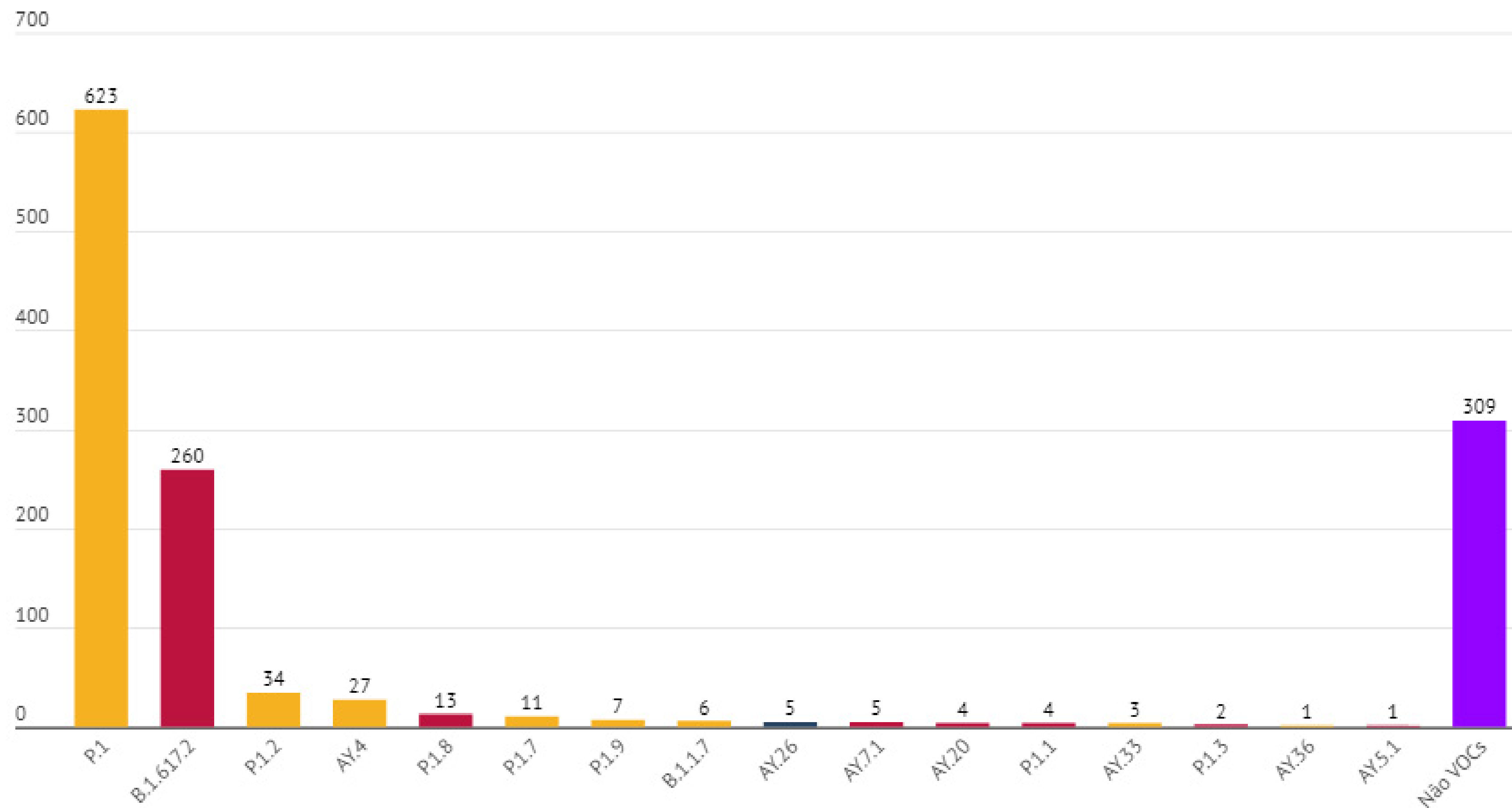
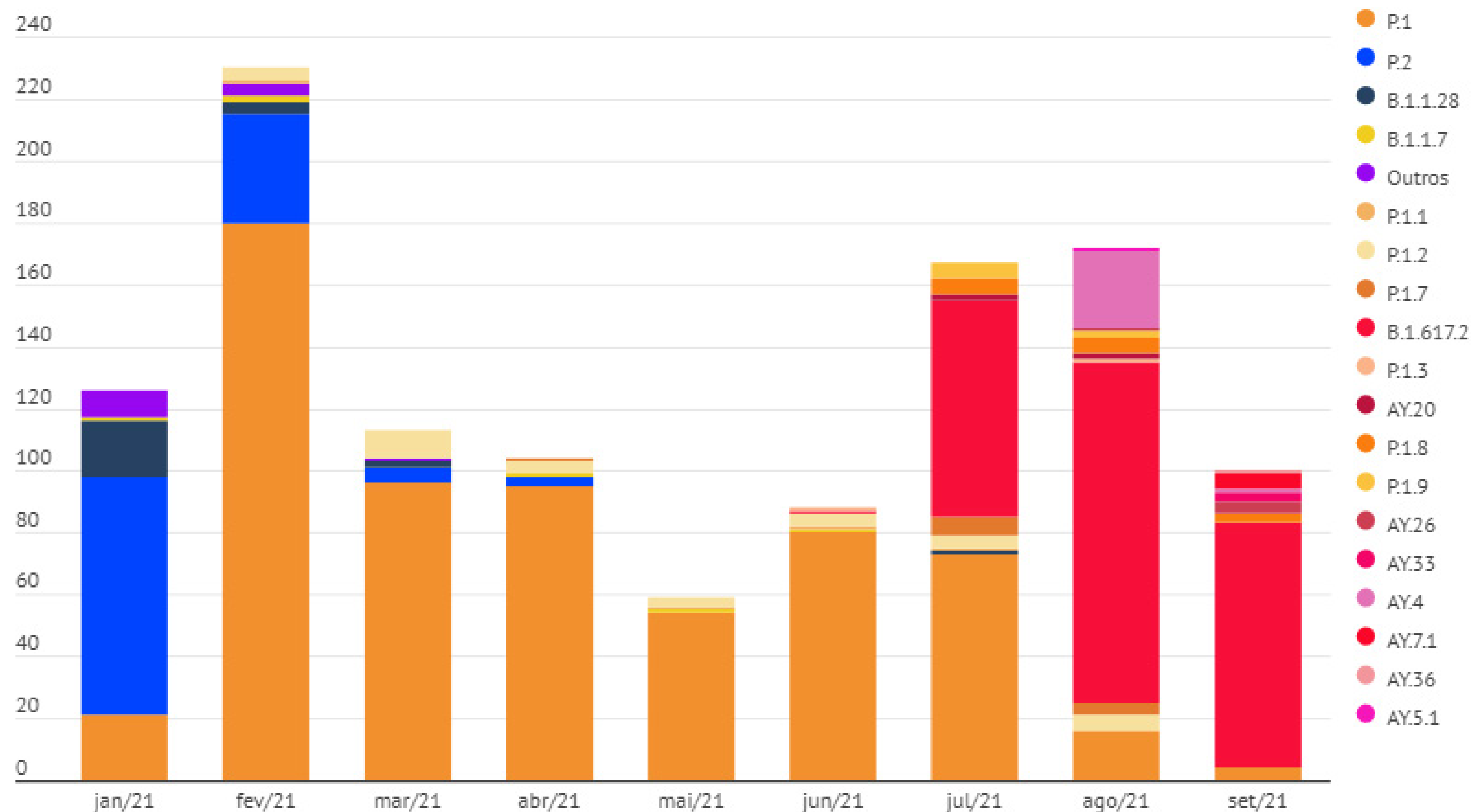


FIGURA 02: Distribuição das diferentes linhagens nos diferentes meses de coleta das amostras, em 2021.



A **Figura 02** mostra o perfil das variantes do SARS-CoV-2 circulantes no Estado de janeiro a setembro de 2021. Desde o surgimento da variante Delta, em junho, sua presença só tem aumentado, bem como suas sublinhagens. Até o momento, já foi confirmada a presença de sete sublinhagens da Delta: AY.20, AY.26, AY.33, AY.36, AY.4, AY.5.1 e AY.7.1 e a presença de seis sublinhagens da Gama: P.1.1, P.1.2, P.1.3, P.1.7, P.1.8 e P.1.9

Como o sistema de classificação de linhagens é dinâmico podem ser alteradas mediante a uma nova versão do sistema de classificação. Devido a nova versão do software Pangolin houve mudança na classificação em uma amostra, a qual antes tinha sido classificada como P.3 e agora passou a ser P.1.3.

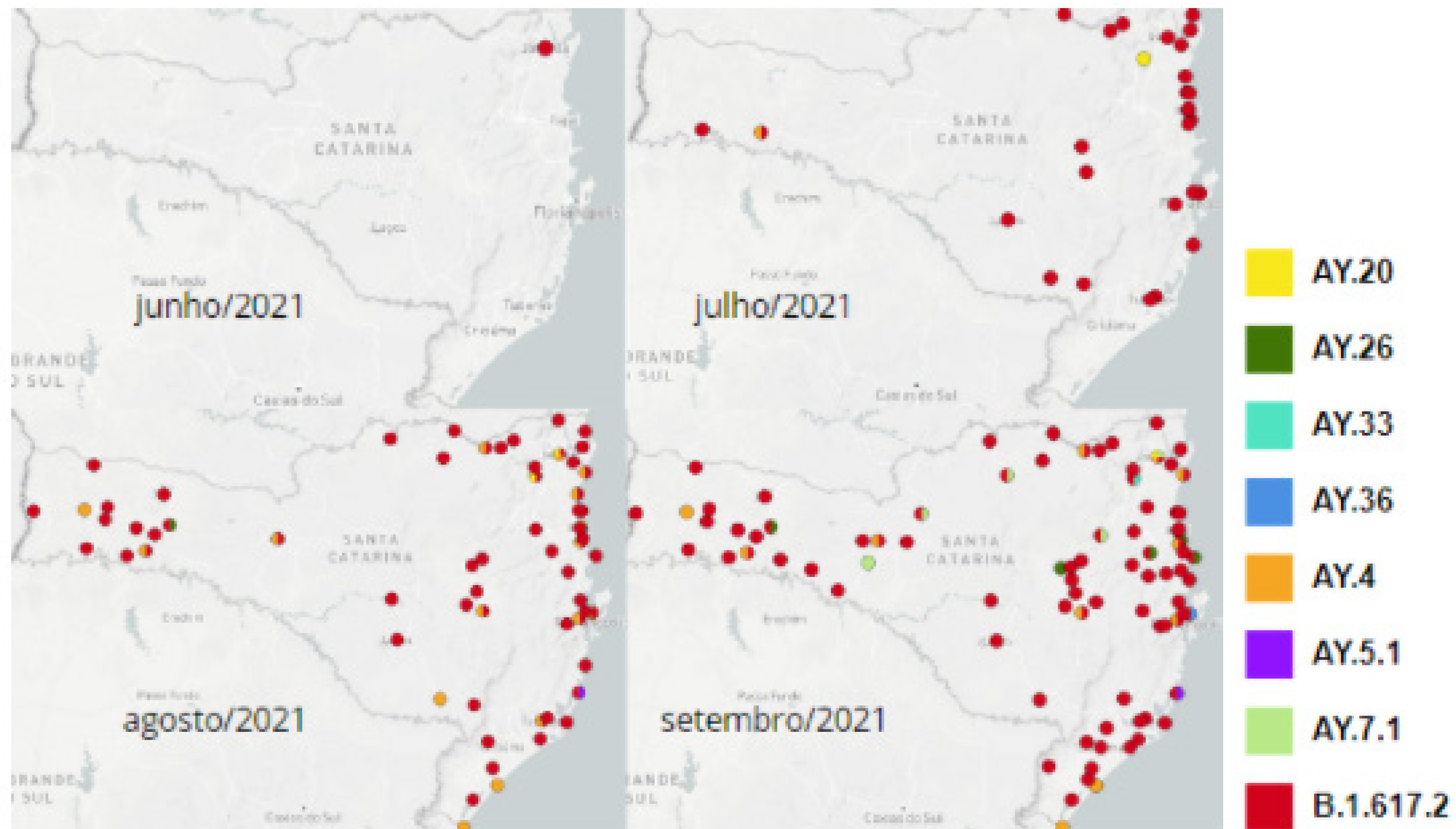
A Delta é uma variante que possui mutações importantes na proteína Spike como T19R, (V70F*), T95I, G142D, E156-, F157-, R158G, (A222V*), (W258L*), (K417N*), L452R, T478K, D614G, P681R, D950N. Tem como características o aumento da transmissibilidade, redução potencial na neutralização por alguns tratamentos com anticorpos monoclonais e redução potencial na neutralização por soros pós-vacinação.

Ainda não há estudos que confirmem se as mutações de AY.4 conferem uma vantagem genuína ou se o aumento da frequência da linhagem é simplesmente chamado de "efeito fundador". É quando um subconjunto de vírus se separa da população viral geral e se replica isoladamente. Na área onde estão os vírus separados, todos os vírus subsequentes serão, portanto, descendentes desse subconjunto. A mudança definidora em AY.4 é a mutação A1711V, que afeta a proteína Nsp3 do vírus, que desempenha uma série de funções na replicação viral. No entanto, o impacto dessa mutação é desconhecido.

Dentre as 1159 amostras em que foram realizados sequenciamentos genômico para verificação de linhagens do vírus SARS-CoV-2 no ano de 2021, 26,4% corresponderam à linhagem Delta. Em Santa Catarina essa linhagem surgiu no final de junho de 2021 e foi se espalhando do litoral para a região oeste do estado, conforme demonstra a Figura 03, onde as diferentes cores nos mapas representam as subvariantes da Delta.

Como esperado, a variante Delta (linhagens B.1.617.2 e AY) tornou-se dominante em Santa Catarina e hoje corresponde a 92% das amostras coletadas em setembro de 2021.

FIGURA 03: Evolução dos casos da variante Delta no estado de Santa Catarina.



Em Santa Catarina mais uma reinfeção foi confirmada através do sequenciamento. Um paciente de Chapecó teve sua primeira infecção pela variante P.2 e a segunda infecção por B.1.617.2 (variante Delta), totalizando 7 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 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 monitorando mutações específicas, que são de grande importância para um controle mais dinâmico do SARS-CoV-2 e da avaliação da eficácia das vacinas existentes.

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

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.

Deng X, Garcia-Knight MA, Khalid MM, et al. Transmission, infectivity, and antibody neutralization of an emerging SARS-CoV-2 variant in California carrying a L452R spike protein mutation. MedRxiv 2021.

Garcia-Beltran W, Lam EC, St. Denis K, et al. Multiple SARS-CoV-2 variants escape neutralization by vaccine-induced humoral immunity. Cell. 2021.

Yadav PD, Sapkal GN, Abraham P, et al. Neutralization of variant under investigation B.1.617 with sera of BBV152 vaccinees. BioRxiv 2021.

