



# BOLETIM DE VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS CoV-2

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA N° 48  
ATUALIZADO EM 17/12/2021

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.

Atualmente a Vigilância Genômica no estado conta 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), em parceria com o LACEN/SC, via projeto FAPESC. 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.

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.

Em 26 de novembro de 2021 a Organização Mundial da Saúde incluiu a variante B.1.1.529 como VOC, e a nomeou Omicron. A decisão de designá-la como uma VOC foi baseada na evidência de que o Omicron 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 da África do Sul, enquanto 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 VOCs.

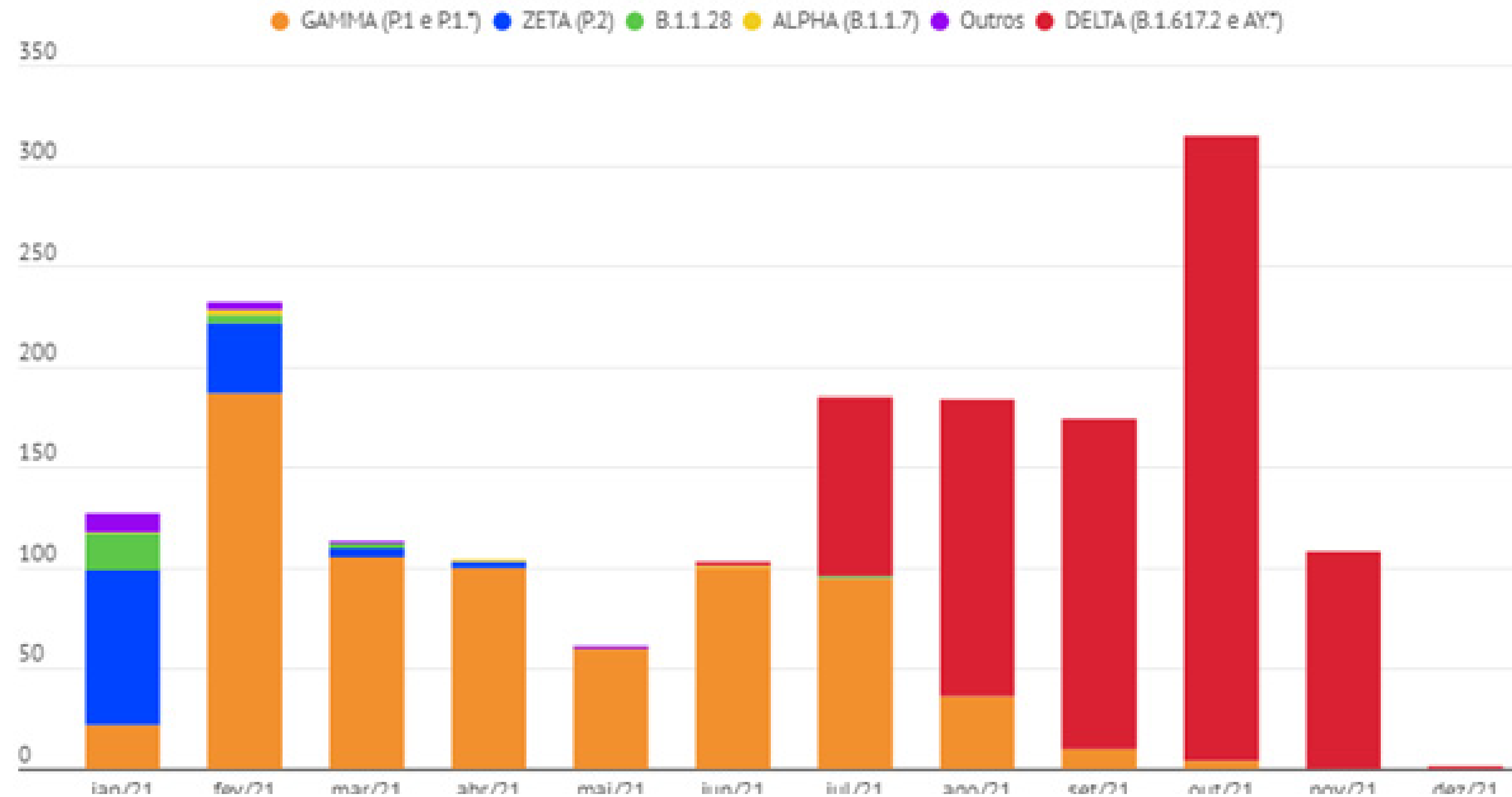
**Tabela 01:** Rótulo para variantes de preocupação e variantes de interesse do SARS-CoV-2 segundo a Organização Mundial da Saúde

<b>RÓTULO OMS</b>	<b>LINHAGEM</b>	<b>PRIMEIRA DOCUMENTAÇÃO</b>
<b>VOC</b>		
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
<b>VOI</b>		
Lambda	C.37	Peru
Mu	B.1.621	Colômbia

Foram sequenciados **1873** genomas completos do SARS-CoV-2 provenientes de pacientes com SARS-CoV-2 detectável por RT-qPCR, residentes em 176 municípios do estado de Santa Catarina.

Entre a semana epidemiológica 38, quando foi relatado o sexto Boletim de Vigilância Genômica, e a semana epidemiológica 48, que confere os dados deste boletim, houve um aumento de 41,2% no número de amostras sequenciadas, totalizando 49 linhagens circulantes no estado durante o período analisado. As variantes de preocupação presentes no estado estão retratadas na **Figura 01**.

**FIGURA 01:** Distribuição das diferentes linhagens nos diferentes meses de coleta das amostras, em 2021.

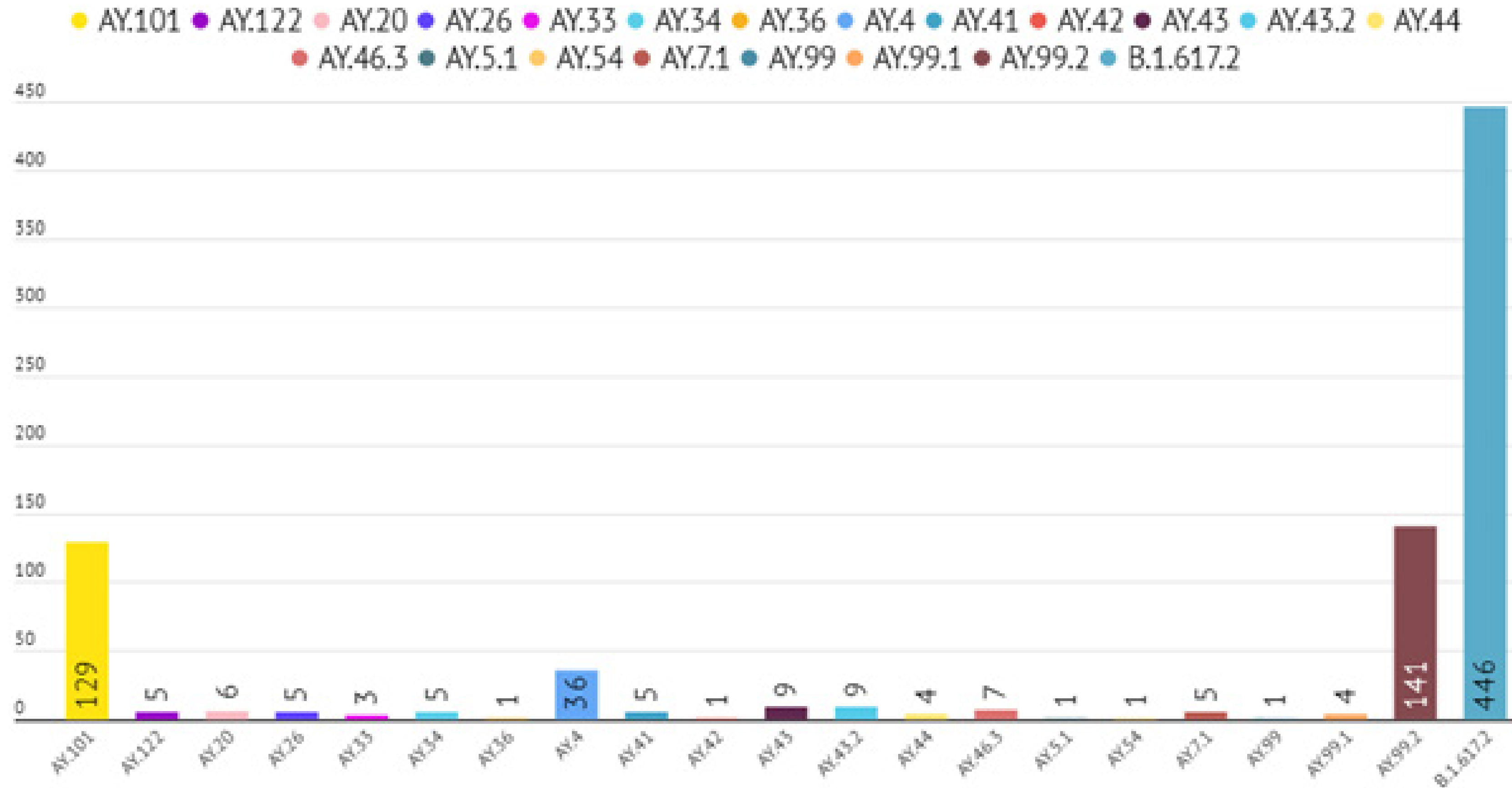


Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

Como a variante Delta se tornou a linhagem predominante em muitos países, suas sub-linhagens receberam a denominação de AY. Isso separa B.1.617.2 em grupos menores relacionados, permitindo um melhor monitoramento da diversidade e aprimorando a identificação de clados emergentes. As novas linhagens AY são definidas filogeneticamente e tratadas como variantes Delta. A sua designação para uma sub-linhagem não implica necessariamente em quaisquer diferenças biológicas funcionais em comparação com B.1.617.2. Até o momento já foram confirmadas a presença de 20 sublinhagens da Delta em Santa Catarina (**Figura 02**). Sendo a B.1.617.2 a mais prevalente, seguida da AY.99.2, AY.101 e AY.4.



**FIGURA 02:** Proporção das diferentes linhagens do vírus SARS-CoV-2 circulantes no Estado

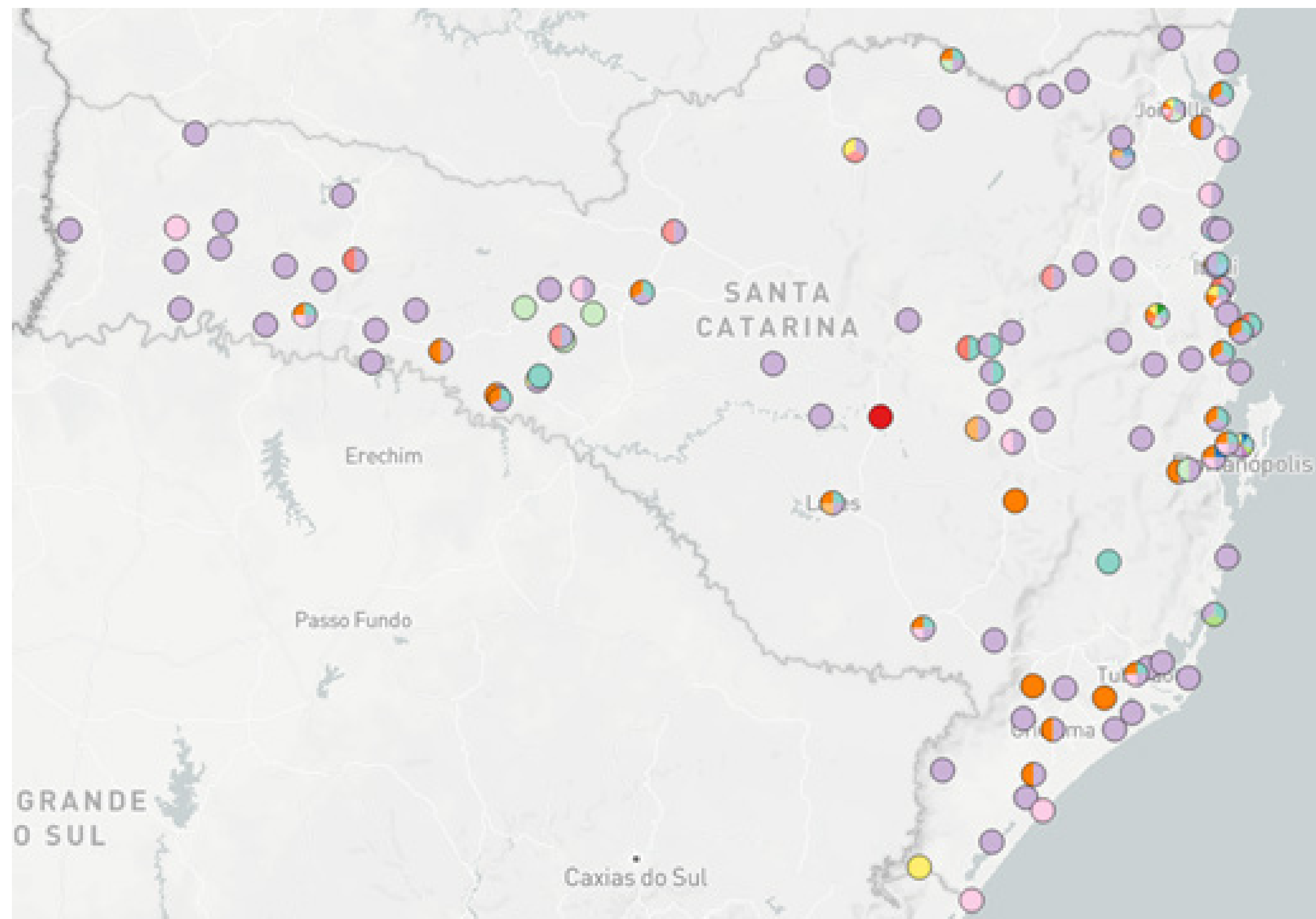


Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

O aumento da transmissibilidade da VOC Delta foi associado, entre outros, a uma maior carga viral, maior duração da infecção, e altas taxas de reinfecção, devido à sua capacidade de escapar da imunidade natural, o que resultou na Delta rapidamente se tornando a variante globalmente dominante.

Dentre as 1873 amostras em que foram realizados sequenciamentos genômico para verificação de linhagens do vírus SARS-CoV-2 no ano de 2021, 44% corresponderam à linhagem Delta. Em novembro de 2021, 100% das amostras sequenciadas são equivalentes à variante Delta (linhagens B.1.617.2 e AY). Na **Figura 03** é possível visualizar a distribuição da Delta e suas diferentes sublinhagens coletadas em vários municípios do estado.

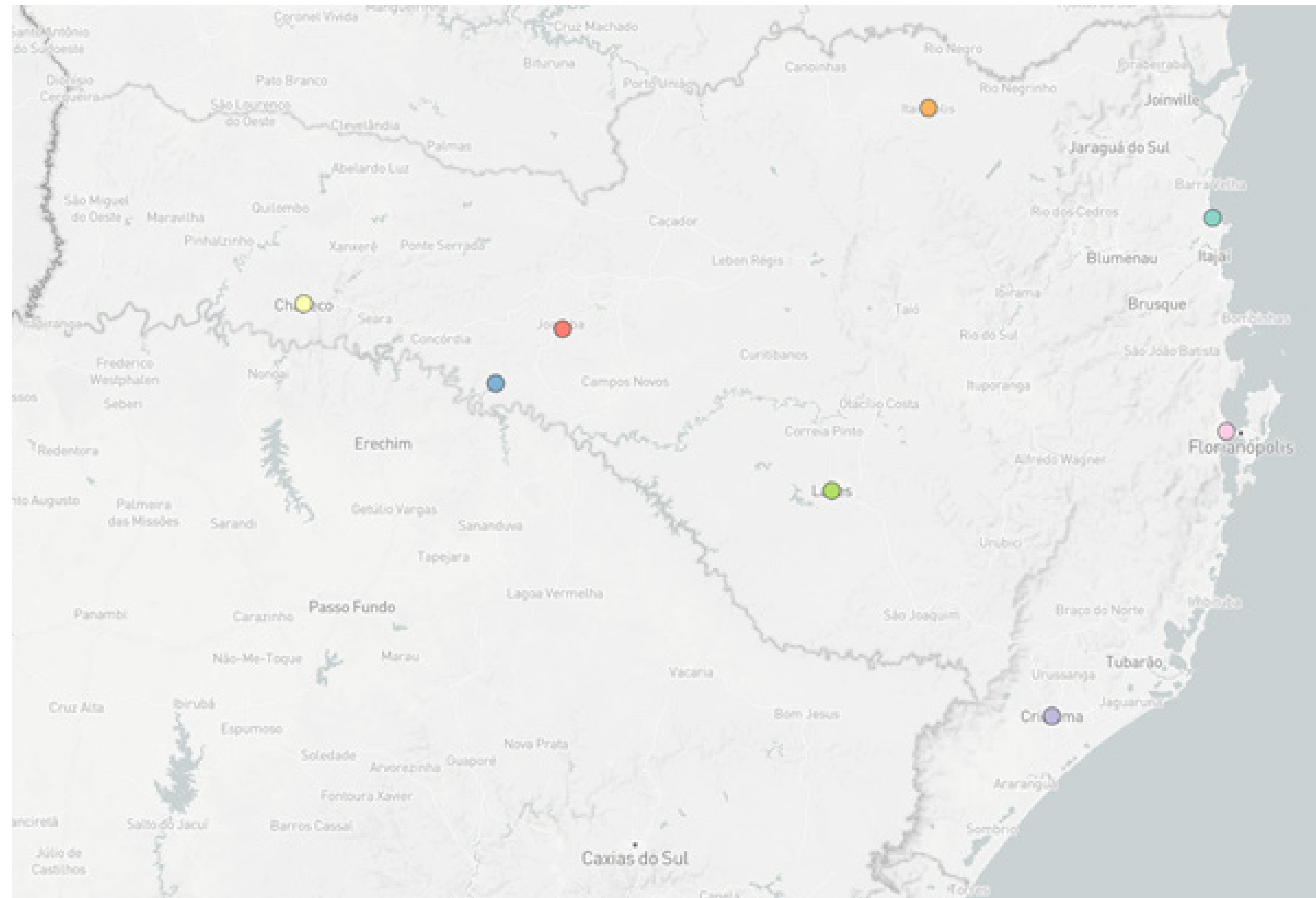
**FIGURA 03:** Distribuição das sublinhagens da variante Delta identificadas no estado de Santa Catarina



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

Em Santa Catarina mais duas reinfecções foram confirmadas através do sequenciamento. Um paciente de São José teve sua primeira infecção pela variante B.1.1.33 e a segunda infecção por AY.101 (variante Delta). O segundo paciente de Ipira teve sua primeira infecção pela variante N.9 e a segunda infecção por AY.99.2 (variante Delta). Com esses novos dados temos confirmados 9 casos de reinfecções em Santa Catarina, contemplando todas as regiões do estado **(Figura 04)**.

**FIGURA 04:** Cidades de Santa Catarina que foram confirmadas reinfecção por SARS-CoV-2 (Balneário Piçarras, Chapecó, Criciúma, Herval D'Oeste, Ipira, Itaiópolis, Lages e São José)



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

As reinfecções são raras e associadas a uma resposta de anticorpos neutralizantes baixa ou nenhuma após a infecção primária, seguida pelo aumento das respostas de anticorpos após a reinfecção, indicando uma forte correlação entre a suscetibilidade à infecção e o título de anticorpos humorais, e reconhecendo que o papel da imunidade celular na proteção permanece até estar totalmente estabelecido. Garantir que a alta concentração de anticorpos neutralizantes seja mantida após as campanhas de vacinação será um importante contribuinte para a proteção geral de variantes emergentes em todas as faixas etárias.

Como a proteína Spike está intimamente envolvida no início da infecção e é o alvo das respostas de anticorpos neutralizantes, não é surpresa que esteja evoluindo rapidamente e que as mudanças em Spike provavelmente sustentem alguns dos fenótipos expressos por variantes preocupantes. A Spike é uma proteína grande, com mais de 1200 aminoácidos, dos quais, em torno de 25 aminoácidos, mediam a interação do domínio de ligação ao receptor (RBD) com a ACE2. As mutações dentro e ao redor do RBD são encontradas em todas as variantes de interesse.

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.

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

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.



