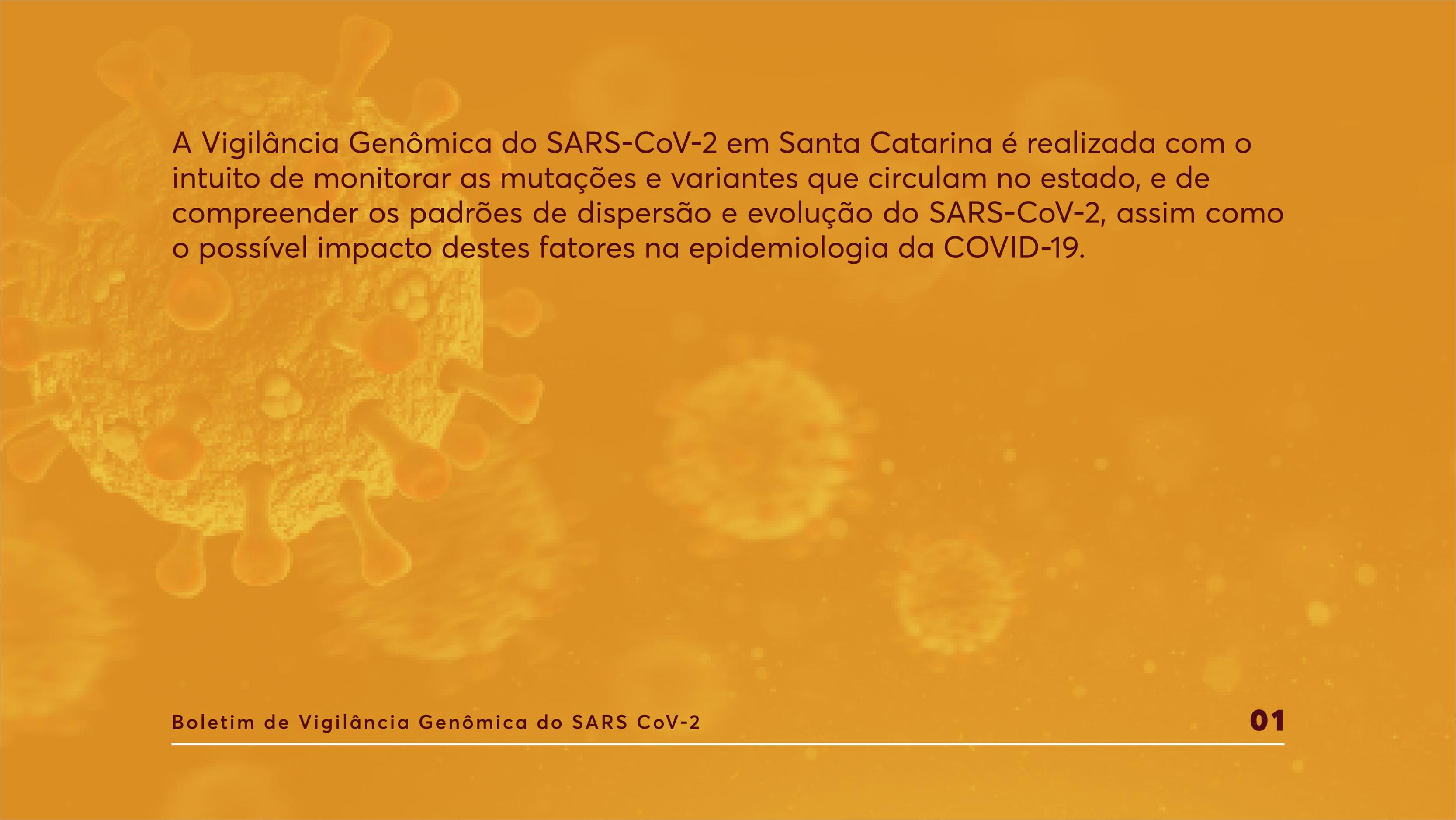




BOLETIM DE VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS CoV-2

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA N° 20
ATUALIZADO EM 10/06/2022



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), por meio de 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 N° 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.

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 as VOCs circulando atualmente no mundo, segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS).

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>

*Não há, atualmente, a circulação de variante de interesse (VOI) mundialmente.

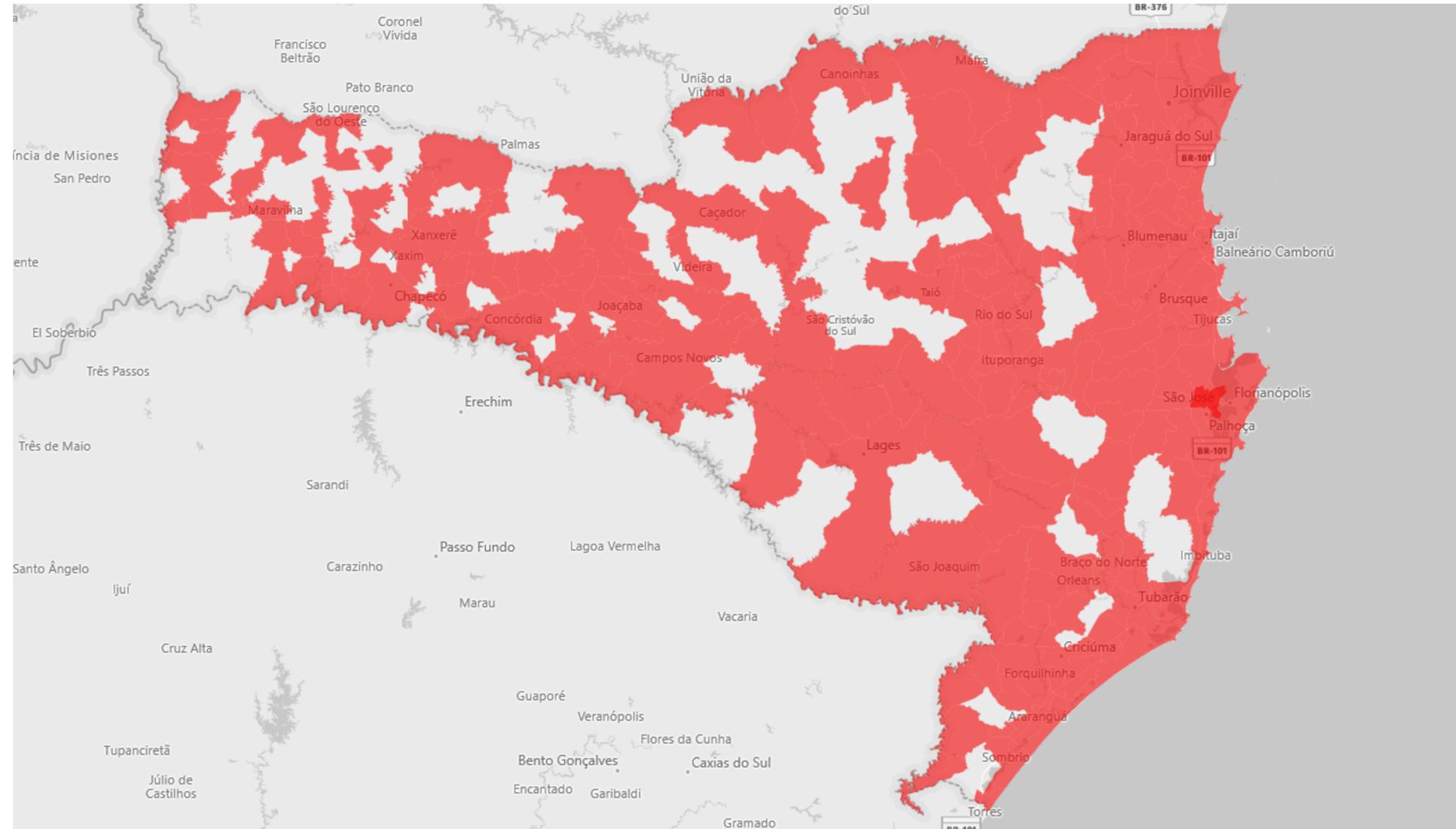
A VOC Ômicron é atualmente a variante dominante que circula globalmente, respondendo por quase todas as sequências relatadas ao GISAID. A Ômicron é composta por várias sublinhagens, cada uma delas sendo monitorada pela OMS, tendo registro de 113 sublinhagens associadas. Destes, os mais comuns são BA.1, BA.2, BA.4 e BA.1.1. Atualmente, a sublinhagem BA.2 da Ômicron aumentou rapidamente em todo o mundo, superando a BA.1 e respondendo por mais de 95% dos casos recentes de COVID-19. Todas essas sublinhagens diferem uns dos outros por terem mutações diferentes na proteína spike, que é a parte do vírus que penetra nas células hospedeiras e causa infecção.

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 (SE) 20 de 2022. Além disso, 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.

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.

Durante o período de 2020 a 2022 foram sequenciados 6363 genomas completos do SARS-CoV-2 detectável por RT-qPCR, sendo 89 tipos de variantes e sublinhagens diferentes encontradas no estado. A amostragem compreende pacientes residentes em 234 municípios do Estado. A cobertura de municípios contemplados pela Vigilância Genômica está demonstrada na **Figura 01**.

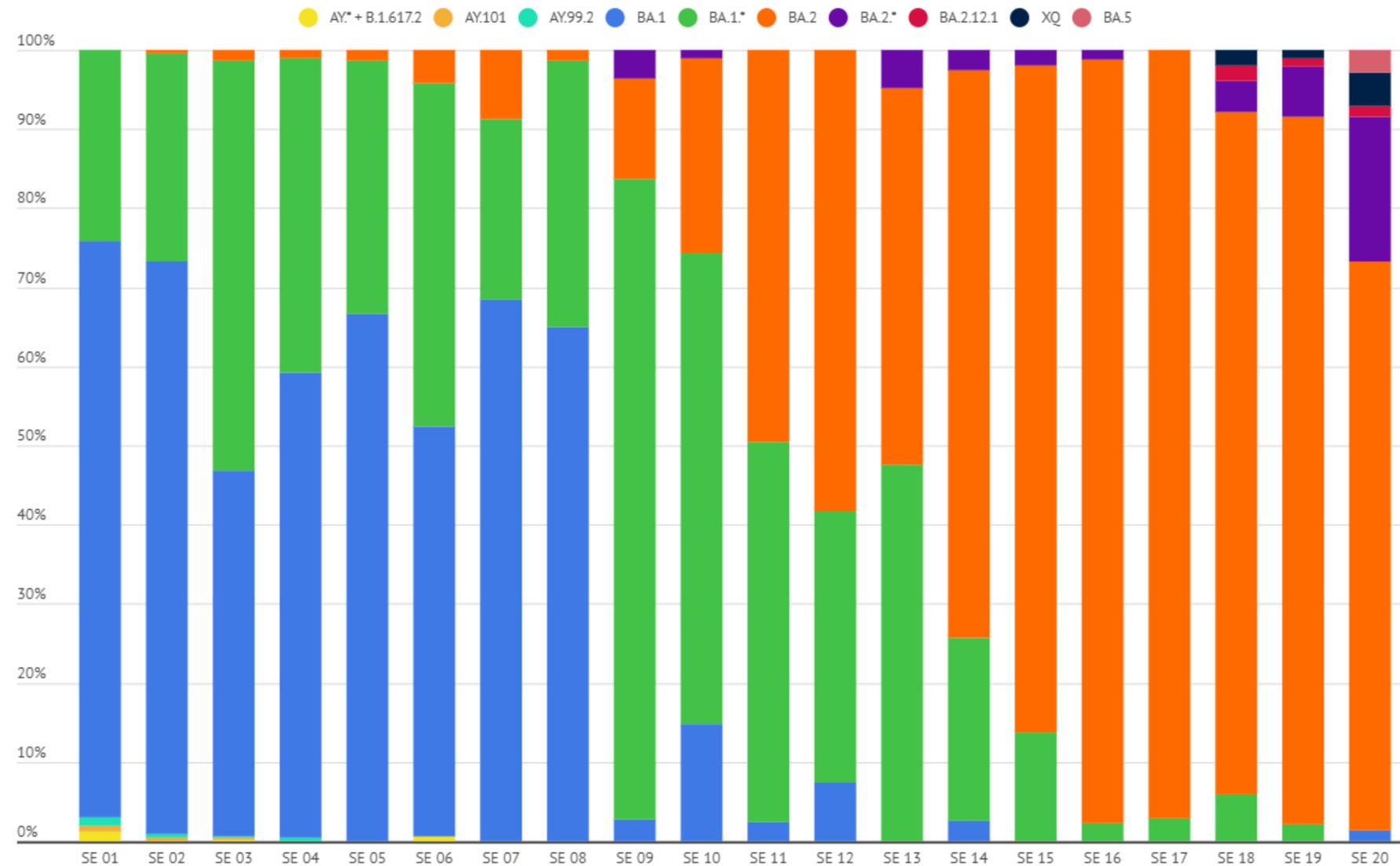
FIGURA 01: Mapa de cobertura de Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 em Santa Catarina no período de 2020 a 2022.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC.

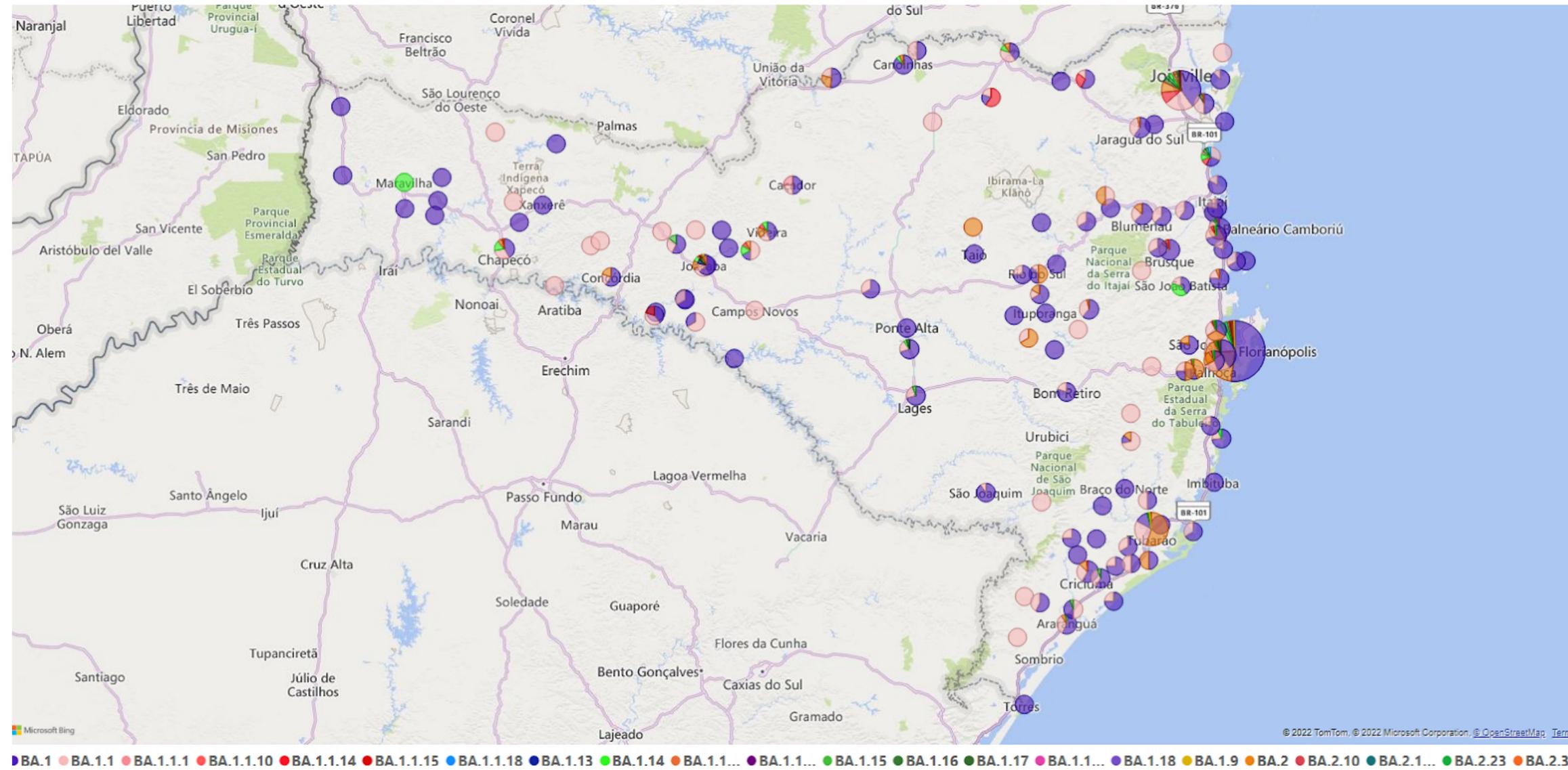
Após o Boletim Genômico número 10 até o momento atual, houve um aumento de 1540 amostras sequenciadas, com incremento relativo de 32%. No período descrito circularam 23 linhagens (BA.1, BA.1.1, BA.1.1.1, BA.1.1.10, BA.1.1.14, BA.1.1.18, BA.1.14, BA.1.14.1, BA.1.14.2, BA.1.15, BA.1.16, BA.1.17, BA.1.17.2, BA.2, BA.2.10, BA.2.12.1, BA.2.23, BA.2.3, BA.2.5, BA.2.7, BA.2.9, BA.5 e XQ) no Estado. As VOCs presentes no Estado estão evidenciadas nas **Figuras 02 e 03** , e sua distribuição nas macrorregionais de saúde de Santa Catarina são observadas na **Figura 04** .

FIGURA 02: Principais linhagens de SARS-CoV-2 encontradas em Santa Catarina por semana epidemiológica no ano de 2022.



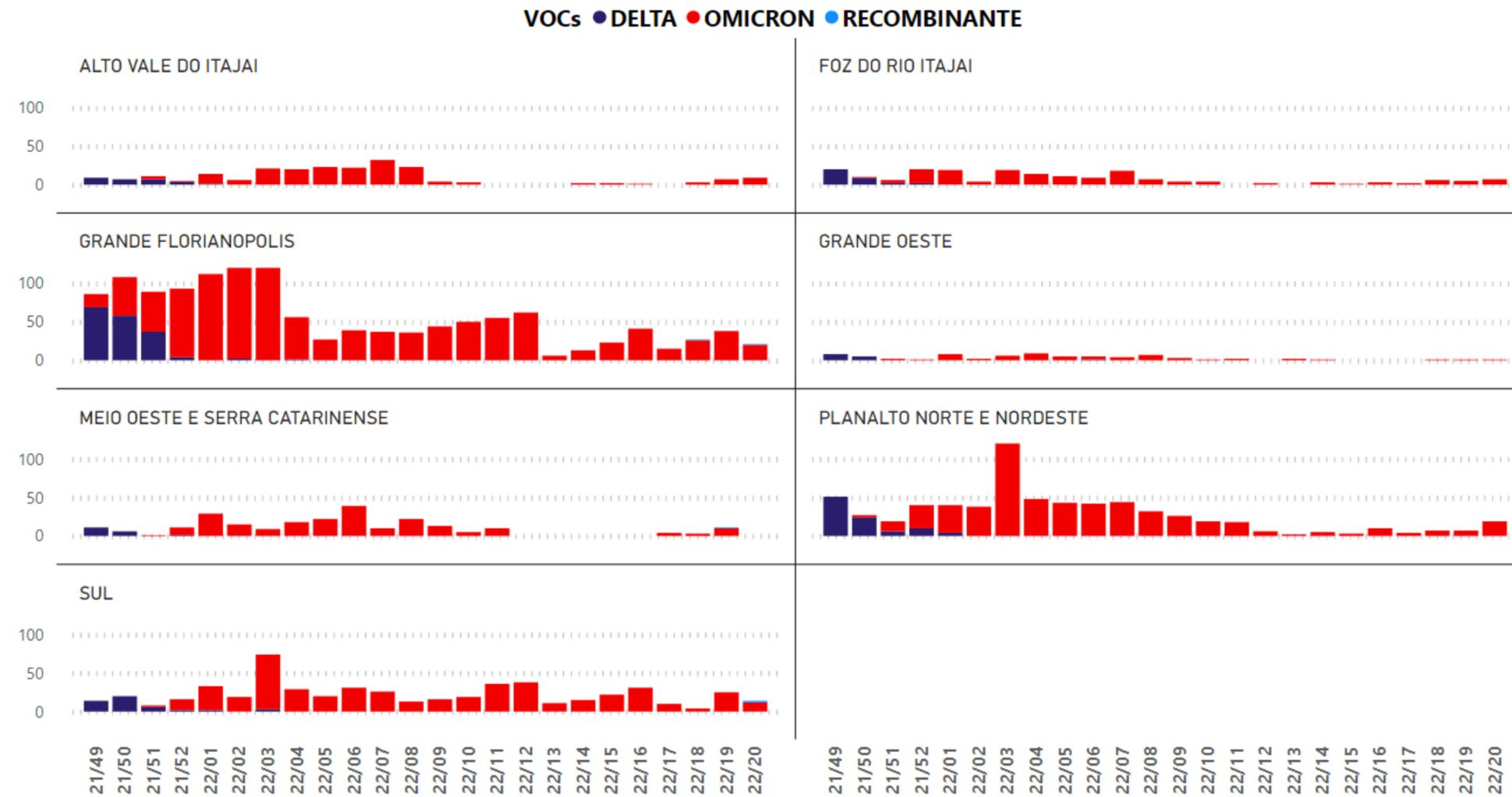
Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC.

FIGURA 03: Distribuição de linhagens da variante ômicron em Santa Catarina.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC.

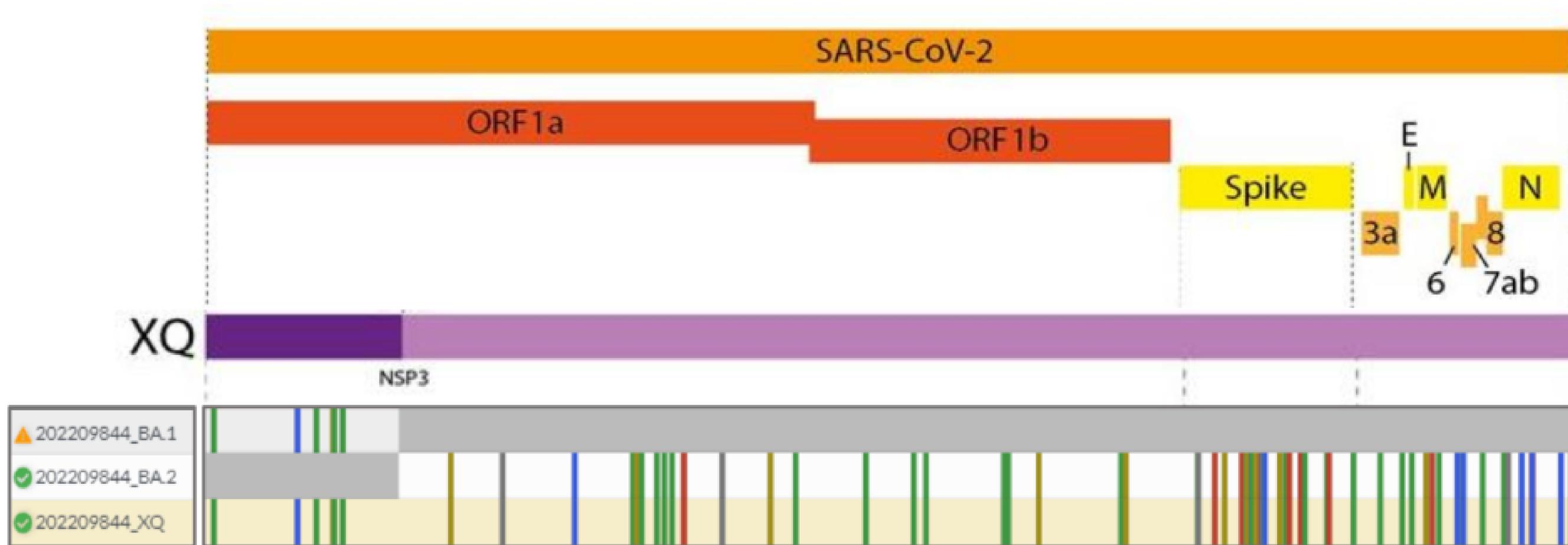
FIGURA 04: Distribuição absoluta das VOCs de junho de 2021 a maio de 2022 por Macrorregional de Saúde em Santa Catarina.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC.

Foram identificados a ocorrência de cinco casos de uma recombinação entre as sublinhagens BA.1 e BA.2, classificadas como pertencendo à linhagem XQ . O primeiro achado no estado foi encontrado em Florianópolis na primeira semana de maio. A recombinante XQ (designação de acordo com o NextClade Pango lineage (<https://clades.nextstrain.org/>) detectada em amostras brasileiras, estão sob análise para uma possível nova designação (<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/709>), e se trata da recombinação das linhagens BA.1* e BA.2*. Ao analisar o genoma da variante recombinante, foi possível observar que a primeira parte do genoma apresentava mutações características da linhagem BA.1.1 enquanto a porção final possui assinaturas da linhagem BA.2, conforme mostra a **Figura 05**. São duas linhagens de uma mesma variante de preocupação, por isso, essas linhagens exigem atenção e monitoramento prioritário.

FIGURA 05: Análise do genoma da amostra de recombinante, onde demonstra a porção inicial correspondendo a BA.1 e a porção final correspondendo a BA.2.



Fonte: Laboratório de Vírus Respiratórios e do Sarampo (LVRS) - FIOCRUZ.

Casos de recombinação genética do SARS-CoV-2 têm sido identificados com mais frequência desde janeiro deste ano, quando a circulação simultânea da Delta e Ômicron foi registrada. O monitoramento genômico mundial mostrou a existência de múltiplas combinações genéticas entre variantes e linhagens, que passaram a ser nomeadas com a letra X.

A linhagem Ômicron tem um potencial evolutivo importante, pois nos últimos meses observa-se o surgimento de novas sublinhagens, as quais têm demonstrado sucessivamente maior potencial de transmissão e capacidade de burlar o sistema imunológico do hospedeiro e causando com isso, novas infecções e aumento de casos. Por isso, o esforço coletivo de vigilância genômica deve ser mantido em todo o mundo para monitorar a entrada de novas linhagens para verificar se aumentarão os casos de infecção e se essas novas linhagens vão se difundir.

Foram confirmadas 49 reinfecções de SARS-CoV-2 entre residentes de Santa Catarina. As amostras com suspeita de reinfecções de indivíduos com dois resultados positivos de RT-qPCR 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 49 reinfecções confirmadas, 39 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° 116 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 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.

Atualmente, a vacinação com doses de reforço, juntamente com o uso de máscara e o distanciamento social, continuam sendo o meio mais eficaz para mitigar o impacto na saúde do surto de Ômicron.

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.

Para observar mais detalhes da Vigilância Genômica em Santa Catarina acesse o [site do LACEN/SC](#) para dados atualizados com gráficos, mapas e conteúdo interativos no nosso DASHBOARD .

REFERÊNCIAS

JIANG, H.; WU, C.; XU, W.; CHENG, H. et al. First Imported Case of SARS-CoV-2 Omicron Subvariant BA.5 — Shanghai Municipality, China, May 13, 2022. *China CDC Weekly*.

WANG, Q.; GUO, Y.; IKETANI, S.; LI, Z.; MOHRI, H.; WANG, M.; YU, J.; BOWEN, A.; CHANG, J.Y. et al. SARS-CoV-2 Omicron BA.2.12.1, BA.4, and BA.5 subvariants evolved to extend antibody evasion. preprint **bioRxiv**. 2022.

