



BOLETIM DE VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS CoV-2

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA N° 04
ATUALIZADO EM 02/02/2022

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 (Coronavírus) 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 (Coronavírus).

Em 2021, o LACEN/SC recebeu do Ministério da Saúde um sistema de sequenciamento genético composto por um sequenciador de nova geração (NGS) MiSeq Illumina e outros equipamentos complementares, bem como computadores para implantação de Laboratório de Bioinformática. Em janeiro de 2022, ocorreu o treinamento da equipe e a partir desta data a técnica de sequenciamento de nova geração também está sendo realizada no LACEN/SC desde 28 de janeiro de 2022.

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 todas as VOC e VOI reconhecidas pela Organização Mundial da Saúde.

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

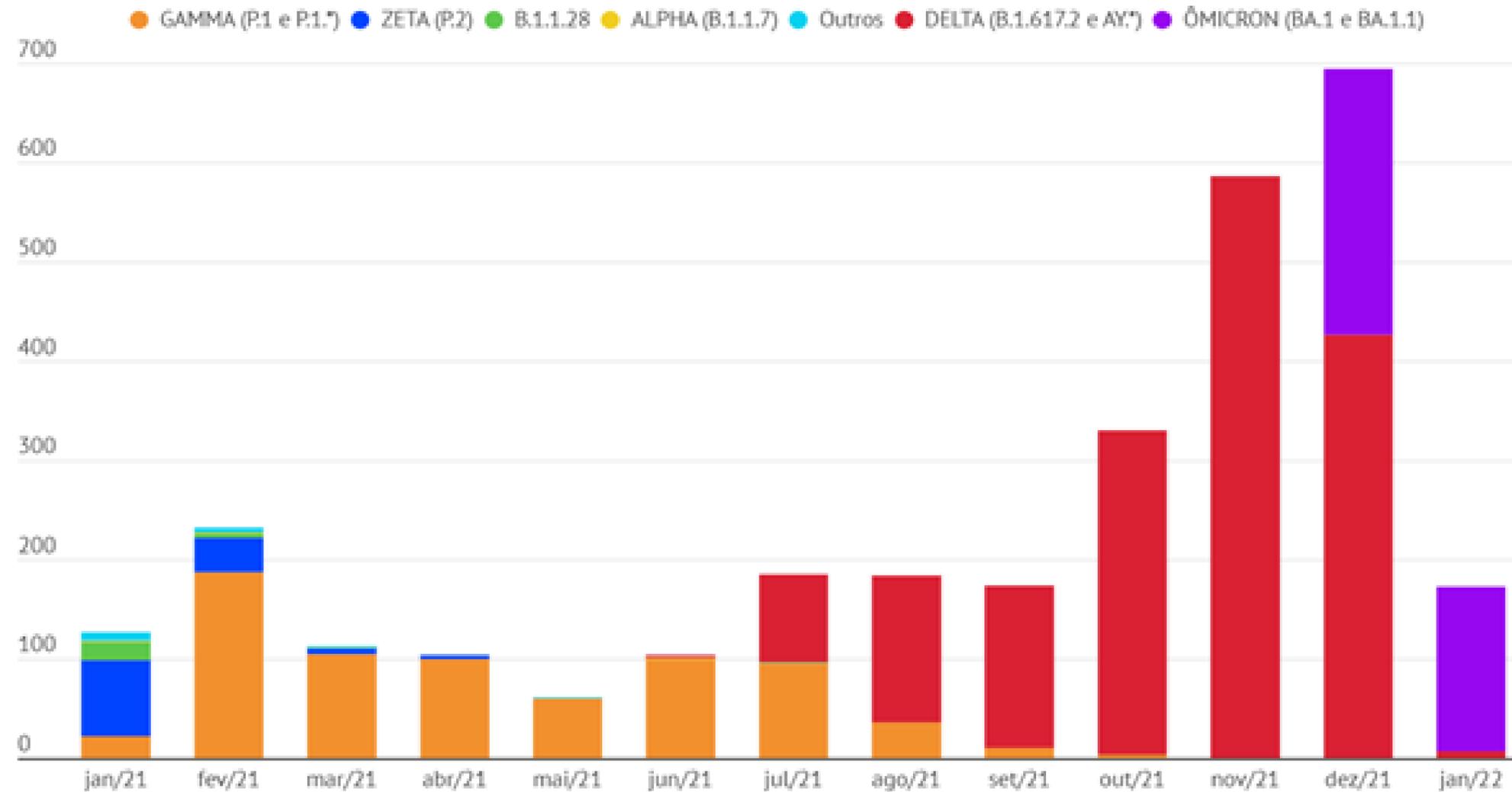
RÓTULO OMS	LINHAGEM	PRIMEIRA DOCUMENTAÇÃO
VOC		
Alfa	B.1.1.7	Reino Unido
Beta	B.1.351	África do Sul
Gama	P.1	Brasil
Delta	B.1.617.2	Índia
Ômicron	B.1.1.529	África do Sul
VOI		
Lambda	C.37	Peru
Mu	B.1.621	Colômbia

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) 04 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.

No período analisado, foram sequenciados **3343** genomas completos do SARS-CoV-2, provenientes de pacientes com SARS-CoV-2 detectável por RT-qPCR, residentes em 182 municípios do Estado de Santa Catarina.

Entre a SE 50 de 2021, cujos dados foram apresentados no sétimo Boletim de Vigilância Genômica, e a SE 04 de 2022, a que se refere este boletim, houve um aumento de 25% no número de amostras sequenciadas, totalizando 63 linhagens circulantes no estado durante o período analisado. As variantes de preocupação presentes no estado estão retratadas na **Figura 01**.

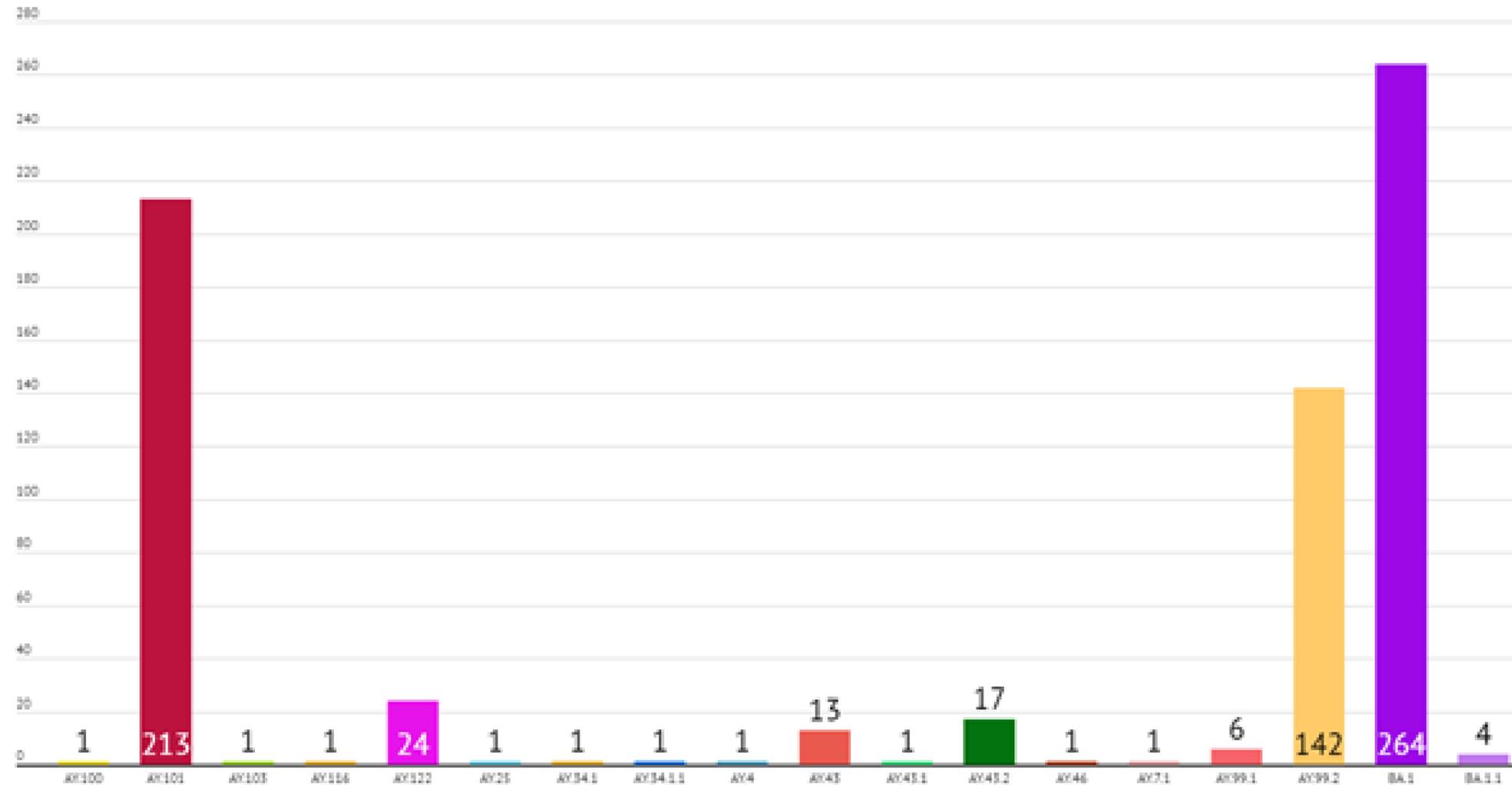
FIGURA 01: Distribuição das diferentes linhagens nos diferentes meses de coleta das amostras, em 2021.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

Com relação à evolução da VOC Delta em Santa Catarina, até o momento, foram confirmadas a circulação de 31 sublinhagens diferentes. Dentre estas, 2 sublinhagens apresentaram importante predomínio: a AY.101 e AY.99.2. A partir da terceira semana de dezembro, a Delta e suas sublinhagens foram gradativamente sendo substituídas pela VOC Ômicron **(Figura 02)**.

FIGURA 02: Linhagens de SARS-CoV-2 encontradas em Santa Catarina no mês de dezembro de 2021.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

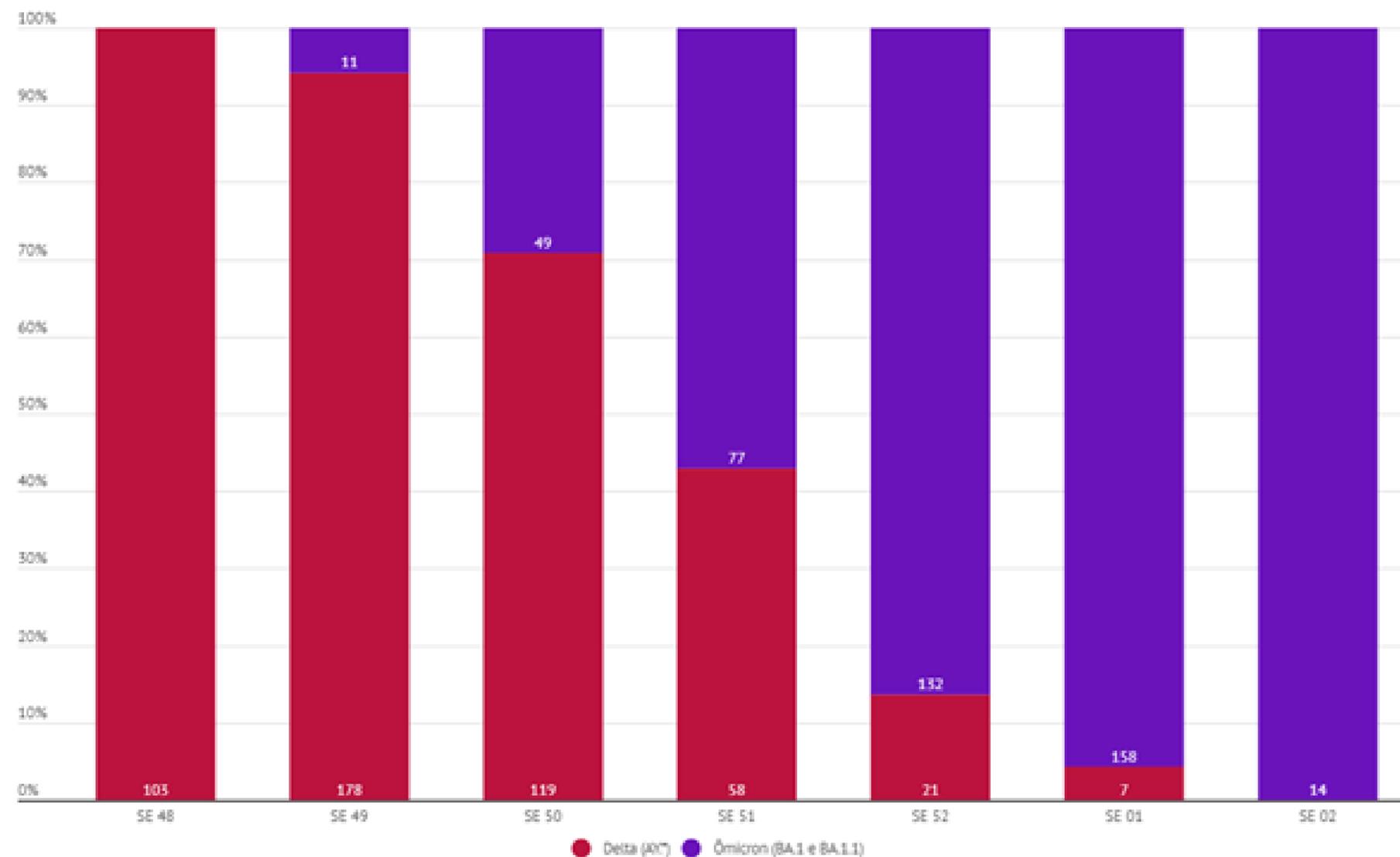
Até o momento, foram confirmados por meio de sequenciamento 442 casos da VOC Ômicron, sendo 408 amostras da linhagem BA.1 e 34 amostras da linhagem BA.1.1. Entre os 51 municípios do estado **(Figura 03)** onde foram encontrados a variante, Florianópolis é o município com maior prevalência de casos. Desde o seu surgimento, é possível notar como os casos dobram a cada semana epidemiológica **(Figura 04)**.

FIGURA 03: Distribuição dos casos da variante Ômicron (BA.1 e BA.1.1) em Santa Catarina.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

FIGURA 04: Acompanhamentos das variantes delta e ômicron encontradas por semana epidemiológica do final de 2021 e início de 2022.



Fonte: Biologia Molecular LACEN/SC

Na SE 49 foram encontradas onze amostras positivas para Ômicron, sendo seu surgimento por volta do dia 7 de dezembro. Sendo essas onze amostras pertencentes a três municípios (Florianópolis, Palhoça e São José). Nas semanas epidemiológicas seguintes o número da VOC Ômicron encontrado só foi aumentando, sendo 49 amostras na SE 50, 77 amostras na SE 51, 132 amostras na SE 52 como demonstra a Figura 05.

Janeiro de 2022 já começou com uma porcentagem de 95% para a VOC Ômicron, como demonstram as colunas das SE 01 e 02 na Figura 05, sendo assim a variante predominante no estado.

A sublinhagem da Ômicron BA.1.1 teve seu primeiro registro em Santa Catarina na SE 51 em Chapecó e Florianópolis.

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.

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.

