



Nota Informativa nº 001/2021 DIVE/LACEN/SUV/SES
(Atualizada 14/05/2021)

Assunto: ORIENTAÇÕES FRENTE ÀS NOVAS VARIANTES DO VÍRUS SARS-COV-2

Desde a identificação inicial do vírus SARS-CoV-2, o vírus sofreu inúmeras mutações, dividindo-se em grupos genéticos ou clados. A presença de mutações é um processo natural da biologia dos vírus, porém, algumas delas podem gerar diferenças dentro de um grupo genético que são denominadas variantes, e estas, por sua vez, podem representar um impacto na saúde pública caso apresentem um potencial de maior transmissibilidade ou gravidade da doença. A seguir estão descritas as variantes que apresentam, em estudos preliminares, potencial impacto para a saúde coletiva:

- Variante VOC 202012/01 (*Variant Of Concern*), linhagem B.1.1.7 - Reino Unido

Essa variante foi detectada em dezembro, no Reino Unido, e dados apontam que esta variante parece ter aumentado substancialmente a transmissibilidade em comparação com outras variantes e cresceu rapidamente, até se tornar a variante dominante em grande parte do Reino Unido. Desde 25 de janeiro de 2021, fora do Reino Unido, 62 países e territórios das seis regiões da Organização Mundial de Saúde (OMS) notificaram casos importados ou transmissão comunitária de VOC 202012/01.

- Variante 501.V2, linhagem B.1.351 - África do Sul

A África do Sul detectou uma nova variante do SARS-CoV-2 em dezembro de 2020 que se espalhou rapidamente por três províncias sul-africanas, denominada 501Y.V2.

Os dados genômicos demonstraram que a variante 501Y.V2 substituiu rapidamente outras linhagens que circulam na África do Sul. Estudos preliminares sugerem que essa variante está associada a uma carga viral mais alta, o que pode sugerir um potencial de maior transmissibilidade. Até 25 de janeiro de 2021, fora da África do Sul, 30 países notificaram casos da variante 501Y.V2.



GOVERNO DE SANTA CATARINA
Secretaria de Estado da Saúde
Superintendência de Vigilância em Saúde
Sistema Único de Saúde

- Variante P.1, linhagem B.1.1.28 - Manaus/Amazonas

Em dezembro de 2020 foi apresentada uma nova variante do SARS-CoV-2, a B.1.1.28, identificada pelo Japão, com origem em Manaus, em quatro viajantes provenientes do Brasil. Essa variante possui 12 mutações na proteína spike, que podem afetar a transmissibilidade e a resposta imune do hospedeiro.

Resultados preliminares de um estudo brasileiro indicou um aumento na detecção da variante P.1, linhagem B1.1.28 em Manaus, responsável por 52,2% (n = 35/67) dos casos detectados de SARS-CoV-2 em dezembro. Em janeiro de 2021, essa proporção aumentou para 85,4% (n = 41/48).

As principais mutações ocorrem na região que codifica a proteína da espícula viral (S="Spike"). Mutações na *spike*, envolvida na ligação ao receptor celular ACE2, tem maior potencial para alterar algumas das propriedades biológicas do vírus, portanto essas mutações têm sido as mais valorizadas e investigadas.

Uma das principais preocupações é o impacto dessas mutações sobre o desempenho dos testes em uso até o momento. Salientamos que os testes moleculares (RT-qPCR) utilizados pelo Laboratório Central de Saúde Pública não têm como alvo diagnóstico o gene S. Dessa forma, com outros alvos genéticos pesquisados garantimos a confiabilidade dos resultados.

- Variante da linhagem B.1.617 (VOC B.1.617)

Variantes emergentes do SARS-CoV-2 dentro da linhagem B.1.617 foram relatadas recentemente na Índia e foram designadas como Variante de Interesse (VOI) pela Organização Mundial de Saúde (OMS). A linhagem foi identificada pela primeira vez na Índia em dezembro, embora uma versão anterior tenha sido vista em outubro de 2020.

Desde 27 de abril, mais de 1.200 sequências foram atribuídas à linhagem B.1.617 em pelo menos 47 países. A maioria das sequências foi encontrada na Índia, Reino Unido, Estados Unidos e Cingapura.



GOVERNO DE SANTA CATARINA
Secretaria de Estado da Saúde
Superintendência de Vigilância em Saúde
Sistema Único de Saúde

Em 10/05, a Organização Mundial da Saúde (OMS) declarou que a variante do coronavírus identificada pela primeira vez na Índia no ano passado passa a ser classificada como sendo uma Variante de Preocupação (VOC) global, e contém três sub linhagens: B.1.617.1, B.1.617.2 e B.1.617.3, que diferem pouco, mas são mutações potencialmente relevantes na proteína spike com alguns estudos preliminares mostrando que se espalham mais facilmente. A variante B.1.617 é a quarta variante a ser designada como sendo de preocupação global, exigindo maior rastreamento e análise.

Diante do cenário descrito acima, a **Diretoria de Vigilância Epidemiológica (DIVE/SC)** e o **Laboratório Central de Saúde Pública (LACEN/SC)**, da **Secretaria de Estado da Saúde de Santa Catarina (SES/SC)** orientam:

- Condutas para identificação de novas variantes no Estado

Esclarecemos que o sequenciamento genético viral, em Santa Catarina, é realizado no laboratório de Referência Nacional - FIOCRUZ/RJ com o objetivo de realizar Vigilância Genômica. Sendo assim, não possuem valor para diagnóstico e confirmatório de caso suspeito para COVID-19.

Os dados gerados a partir do sequenciamento genético qualificam e quantificam a diversidade genética dos vírus circulantes. Investigações epidemiológicas e virológicas adicionais estão sendo realizadas a fim de avaliar a transmissibilidade, gravidade, risco de reinfecção e a resposta de anticorpos a essas novas variantes, bem como seu potencial impacto nas medidas de saúde pública, incluindo diagnóstico, tratamento e vacinas.

- Medidas a serem adotadas

- Na avaliação de casos suspeitos de COVID-19 deve ser investigado o histórico de viagens recentes do indivíduo sintomático ou contactantes próximos (últimos 30 dias) para qualquer país do exterior;



GOVERNO DE SANTA CATARINA
Secretaria de Estado da Saúde
Superintendência de Vigilância em Saúde
Sistema Único de Saúde

- Os casos que se enquadrarem na definição acima deverão ser notificados no e-SUS Notifica e também através do formulário https://docs.google.com/forms/d/e/1FAIpQLSdwfquXkRSJa9AhEs29unCmqKKkaDuHe0mmyXPZr3fAKaS9w/viewform?usp=sf_link;
- Deverá ser realizada a coleta do exame RT-PCR de secreção nasofaringe (swab nasal) do caso suspeito para confirmação diagnóstica; para os casos graves, realizar preferencialmente a coleta de secreção traqueal ou lavado bronco alveolar;
- A coleta deverá ser enviada obrigatoriamente ao LACEN para posterior encaminhamento ao laboratório de referência para detecção de possíveis variantes por meio de sequenciamento viral;
- É importante lembrar que a coleta deste material deve ser feita em momento oportuno (entre 3º e 7º dia do início dos sintomas para casos leves e moderados) e para os casos graves seguir as orientações do manual para COVID-19 e os padrões de qualidade e segurança orientados;
- Orientações para os procedimentos de coleta, armazenamento e transporte da amostra se encontram nas páginas 25 a 28 do Manual de Orientações para coleta, acondicionamento e transporte de amostras biológicas do Guia para a Rede Laboratorial de Vigilância de Influenza no Brasil, disponível em <http://bit.ly/Manualcoleta>;
- Preferencialmente, identificar a amostra com etiqueta impressa no GAL e acrescentar manuscrito à etiqueta: SUSPEITA NOVA VARIANTE (NV). Bem como, ao cadastrar a amostra no GAL, incluir como Finalidade: Investigação e em Descrição: COVID-19. No campo “observações” descrever todas as informações pertinentes ao caso com a frase SUSPEITA DE NOVA VARIANTE em destaque. Enviar a amostra separada da embalagem das demais amostras de rotina, para que esta, particularmente, não seja enviada para plataformas de testagem;



GOVERNO DE SANTA CATARINA
Secretaria de Estado da Saúde
Superintendência de Vigilância em Saúde
Sistema Único de Saúde

- Para avaliação de possíveis variantes não serão aceitos os testes de antígenos (swab nasal) e testes rápido ou sorológico (sangue).

Dúvidas podem ser encaminhadas para o e-mail variantescovid.sc@gmail.com.

Florianópolis, 14 de maio de 2021.

Marlei Pickler Debiasi dos Anjos
Laboratório Central de Saúde Pública/SES/SC

João Augusto Brancher Fuck
Diretor de Vigilância Epidemiológica/DIVE/SES/SC