

VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-COV-2 NO RIO GRANDE DO SUL

05

BOLETIM GENÔMICO 2021  
INCLUI DADOS DE 2020

DADOS ATÉ A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA Nº 14  
Autores: Richard Steiner Salvato e Tatiana Schäffer Gregianini  
Revisão: Cynthia Molina-Bastos – 16/04/2021



\* Incluiu amostras com data de coleta em fevereiro e março

↑ Comparado à última edição do Boletim Genômico

**SOBRE AS VARIANTES DE PREOCUPAÇÃO (VOCs)**

Apenas algumas poucas linhagens preocupam quanto a alterações no comportamento do vírus por carregarem mutações específicas. A maioria dessas mutações está concentrada na proteína Spike, a responsável por reconhecer as células humanas e ajudar o vírus a penetrar nessas células do indivíduo. Além disso, é a proteína Spike que os anticorpos produzidos pelo sistema imunológico precisam reconhecer para poder combater o vírus.

**B.1.1.7 (VOC 202012/01) – “popularmente conhecida como variante do Reino Unido”**

Detectada pela primeira vez em setembro de 2020 no Reino Unido, tem uma maior transmissibilidade, uma possível maior severidade da doença e pode escapar dos anticorpos produzidos por algumas vacinas. No Brasil, há registro dessa variante em 12 estados brasileiros e no Distrito Federal.

**B.1.351 (501 Y.V2) - “popularmente conhecida como variante da África do Sul”**

Detectada pela primeira vez em outubro de 2020 na África do Sul, tem uma maior transmissibilidade e alguns estudos já demonstraram uma possível diminuição da eficácia de diferentes vacinas contra essa variante. Não há registro de identificação dessa variante no Brasil.

**P.1 - “popularmente conhecida como variante de Manaus”**

Inicialmente detectada em novembro de 2020 em Manaus-AM. Estudos recentes demonstraram maior transmissibilidade dessa linhagem e a capacidade de evadir da resposta imune de indivíduos previamente infectados pelo SARS-CoV-2. Atualmente há registro dessa variante em pelo menos 22 estados brasileiros, incluindo o Rio Grande do Sul.

---

**CIRCULAÇÃO DE VARIANTES DE PREOCUPAÇÃO NO ESTADO**

Desde a primeira detecção da variante P.1 no Estado, ocorrida em janeiro de 2021, essa linhagem aumentou sua proporção entre as amostras sequenciadas e atualmente é a linhagem que predomina na população. Nesta edição do Boletim Genômico, identificamos pela primeira vez no território gaúcho a Linhagem B.1.1.7 “variante do Reino Unido”. A amostra proveniente de paciente residente em Pelotas foi coletada no dia 25/02/2021. A investigação epidemiológica revelou que o paciente não tinha histórico de viagem ou contato com pessoa proveniente de região com circulação dessa variante. Outras amostras serão analisadas para compreender se este caso é importado ou de transmissão comunitária

## CENÁRIO ATUAL DAS LINHAGENS CIRCULANTES NO ESTADO

Dentre as 42 linhagens já identificadas no Brasil, conforme dados da Rede Genômica da Fiocruz, as linhagens mais frequentes desde o surgimento no território brasileiro são a B.1.1.28, seguida das linhagens B.1.1.33, P.1 e P.2. Desde março de 2020 foram identificadas no Rio Grande do Sul 22 linhagens de SARS-CoV-2 circulantes.

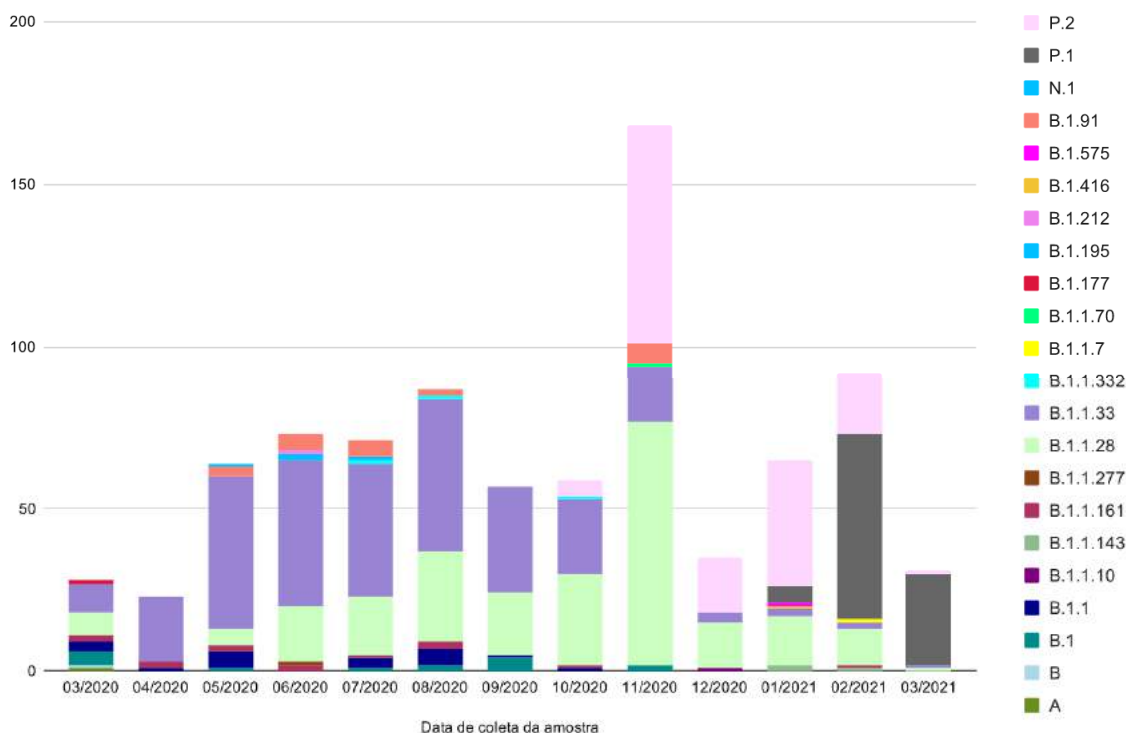
As linhagens mais frequentes no estado foram as mesmas também identificadas no restante do Brasil: B.1.1.33, B.1.1.28, P.2 e P.1, conforme apresentado na Tabela 1.

**Tabela 1 - Proporção das diferentes linhagens do vírus SARS-CoV-2 circulantes no Estado**

<b>Linhagem</b>	<b>Amostras</b>
<b>B.1.1.33</b>	290
<b>B.1.1.28</b>	238
<b>P.2</b>	148
<b>P.1</b>	90
<b>B.1.91</b>	21
<b>B.1.1</b>	19
<b>B.1</b>	14
<b>B.1.1.161</b>	13
<b>B.1.1.143</b>	3
<b>B.1.1.332</b>	3
<b>B.1.195</b>	3
<b>A</b>	1
<b>B</b>	1
<b>B.1.1.10</b>	1
<b>B.1.1.277</b>	1
<b>B.1.1.7</b>	1
<b>B.1.1.70</b>	1
<b>B.1.177</b>	1
<b>B.1.212</b>	1
<b>B.1.416</b>	1
<b>B.1.575</b>	1

O Gráfico 1 revela o aumento no mês de novembro de 2020 da linhagem P.2, se mantendo com uma proporção considerável nos meses seguintes. No mês de fevereiro, nota-se o aumento expressivo da linhagem de preocupação P.1 com a consolidação de seu predomínio observada no mês de março. Desde a primeira identificação em 14/01/2021 na região serrana do estado, a linhagem P.1 foi, até o momento, identificada em 24 municípios gaúchos em diferentes regiões do estado.

**Gráfico 1 - Distribuição das diferentes linhagens nos diferentes meses de coleta das amostras**

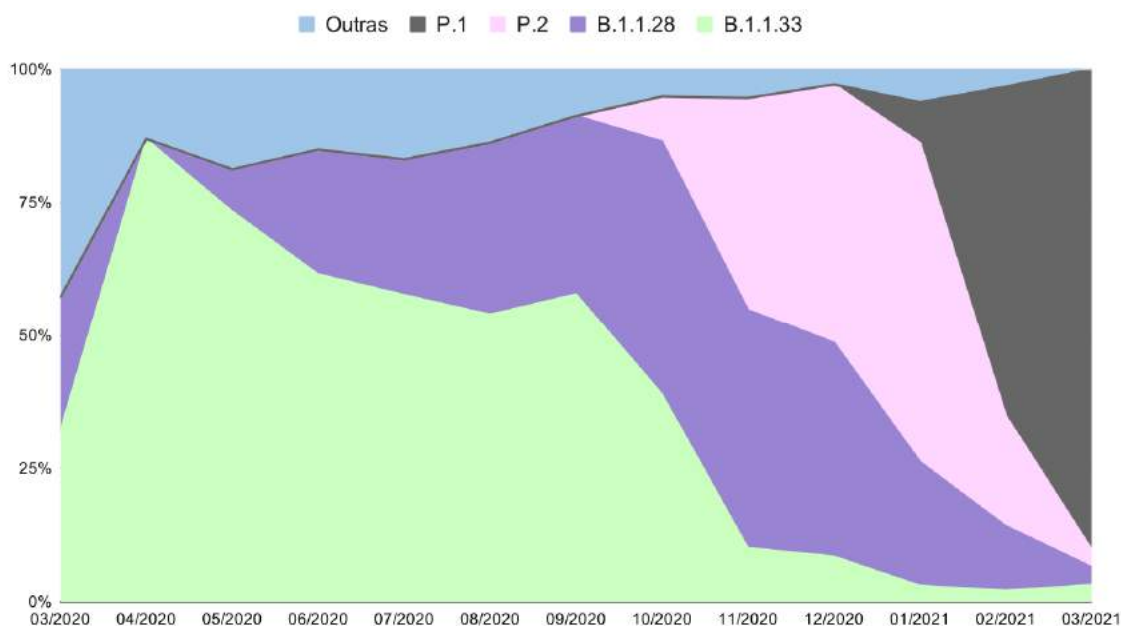


Nesta edição do Boletim, registrou-se a ocorrência pela primeira vez da Linhagem P.1 nas cidades de: Alegrete, Arvorezinha, Bagé, Boqueirão do Leão, Canoas, Capela de Santana, Carazinho, Caxias do Sul, Ivoti, Lajeado, Pelotas, Porto Xavier, Rosário do Sul, Santa Cruz do Sul, Santa Rosa, São Borja, São Jerônimo, Seberi, Sertão Santana, Taquara, Teutônia, Tramandaí, Três Cachoeiras e Veranópolis.

Anteriormente, a linhagem P.1 havia sido identificada em Alvorada, Canela, Caseiros, Gramado, Gravataí, Imbé, Nonoai, Parobé, Porto Alegre, Torres, Triunfo e Viamão.

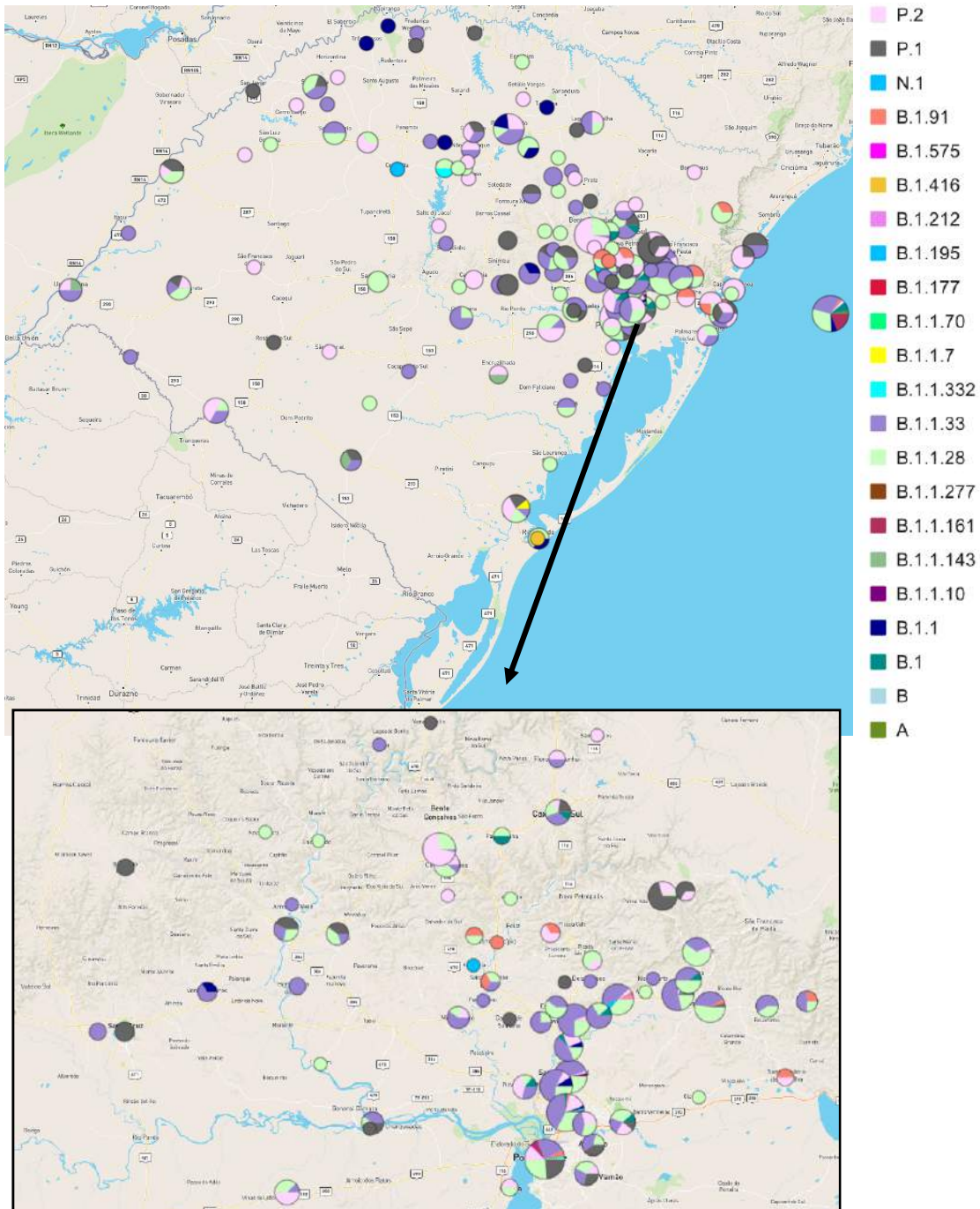
O Gráfico 2 evidencia o aumento expressivo da linhagem P.2 a partir do mês de novembro de 2020, se mantendo nos meses seguintes e acompanhado da diminuição de outras linhagens que predominaram anteriormente (B.1.1.33 e B.1.1.28). Este fenômeno se observou também no restante do país. Em janeiro de 2021 é possível observar a introdução da linhagem P.1 no estado, com aumento da presença dessa variante no mês seguinte e tornando-se agora a linhagem predominante no Estado.

**Gráfico 2 – Frequência das 04 linhagens mais frequentes no Rio Grande do Sul**



As amostras analisadas foram de indivíduos que moram em 139 diferentes municípios do estado do Rio Grande do Sul, de ambos os sexos e faixa etária variada. A amostragem por conveniência não permite extrapolar a frequência com a real proporção das linhagens na população; entretanto, é um teste que permite afirmar que as linhagens identificadas estão em circulação no estado do Rio Grande do Sul. Na Figura 3, os municípios que tiveram amostras com dados do município de residência estão assinalados.

Figura 3 – Distribuição das diferentes linhagens de SARS-CoV-2 no Rio Grande do Sul



Casos representados fora dos limites estaduais representam aquelas sequências em que a cidade de origem da amostra não foi especificada.

Versão interativa deste mapa disponível em:

<https://microreact.org/project/938y3GjZdRQWE8dXnLVSJV>

---

## **SOBRE O BOLETIM GENÔMICO**

As informações presentes neste relatório foram obtidas a partir da base de dados GISAID (disponível no endereço: [www.gisaid.org](http://www.gisaid.org)), além de incluir resultados de sequenciamentos realizados recentemente pelo Laboratório de Vírus Respiratórios e Sarampo da Fiocruz-RJ e pela a Fundação Ezequiel Dias-MG.

A determinação da linhagem foi realizada através da ferramenta Pangolin, disponível em: <https://pangolin.cog-uk.io/>. Os dados deste boletim foram obtidos em 14/04/2021. Foram incluídas amostras coletadas entre: 09/03/2020 e 19/03/2021. A escolha das amostras para o sequenciamento foi baseada na representatividade de todas as regiões geográficas do estado, nos diferentes grupos etários, incluindo pacientes internados ou não, além de considerar os atuais indicadores epidemiológicos.

Importante destacar que o número de linhagens, bem como a classificação das mesmas, pode variar entre as diferentes edições deste boletim. Uma vez que as bases de dados e ferramentas utilizadas para determinar as linhagens de cada sequência são constantemente atualizadas. A cada edição do Boletim Genômico, as análises são realizadas novamente e assim podem ser notadas diferenças entre as edições. Os dados das sequências obtidas na plataforma GISAID são fornecidos pelo depositante e a data de coleta se refere ao dia que o exame foi realizado.

**PESQUISADOR, NOTIFIQUE A IDENTIFICAÇÃO DE VARIANTES DE INTERESSE E VOCs PELO E-MAIL: [vigilancia-genomica@saude.rs.gov.br](mailto:vigilancia-genomica@saude.rs.gov.br). A NOTIFICAÇÃO É OBRIGATÓRIA E AUXÍLIA NA ADOÇÃO DE MEDIDAS DE VIGILÂNCIA EM SAÚDE.**

## Referências

BOGNER, P., Capua, I., Lipman, D. *et al.* Uma iniciativa global de compartilhamento de dados da gripe aviária. *Nature* **442**, 981 (2006). <https://doi.org/10.1038/442981a>

FRANCISCO JUNIOR, R.S., Benites, L.F., Lamarca, A.P., *et al.* Pervasive transmission of E484K and emergence of VUI- NP13L with evidence of SARS-CoV-2 co-infection events by two different lineages in Rio Grande do Sul, Brazil. medRxiv 2021.01.21.21249764; doi: <https://doi.org/10.1101/2021.01.21.21249764>.

Fiocruz – Rede Genômica Fiocruz. Disponível em < <https://portal.fiocruz.br/rede-genomica-fiocruz>>

RAMBAUT, A., Holmes, E.C., O’Toole, Á. *et al.* A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol* **5**, 1403–1407 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>.

SHU Y, McCauley J. GISAID: Global initiative on sharing all influenza data - from vision to reality. *Euro Surveill.* 2017;22(13):30494. doi:10.2807/1560-7917.ES.2017.22.13.30494.

Nota Técnica 01/2021 – Rede Genômica – Fiocruz Disponível em:

<http://www.genomahcov.fiocruz.br/wp-content/uploads/2021/01/NOTA-TECNICA-MS-2021-01-12-Copia-1.pdf>

[https://github.com/CADDE-CENTRE/Novel-SARS-CoV-2-P1-Lineage-in-Brazil/blob/main/manuscript/FINAL\\_P1\\_MANUSCRIPT\\_25-02-2021\\_combined.pdf](https://github.com/CADDE-CENTRE/Novel-SARS-CoV-2-P1-Lineage-in-Brazil/blob/main/manuscript/FINAL_P1_MANUSCRIPT_25-02-2021_combined.pdf)