

Variantes do vírus SARS-COV-2 causadoras da COVID-19 no Brasil

Variants of the SARS-COV-2 virus that cause COVID-19 in Brazil

Variantes del virus SARS-COV-2 que causan COVID-19 en Brasil

Lincoln Agudo Oliveira Benito¹, Rosana da Cruz Lima², Ana Maria de Lima Palmeira³, Margô Gomes de Oliveira Karnikowski⁴,
Izabel Cristina Rodrigues da Silva⁵

Como citar: Benito LAO, Lima RC, Palmeira AML, Karnikowski MGO, Silva ICR. Variantes do vírus SARS-COV-2 causadoras da COVID-19 no Brasil. REVISIA. 2021; 10(1): 205-19. Doi: <https://doi.org/10.36239/revisa.v10.n1.p205a219>

REVISIA

1. Universidade de Brasília, Programa de Pós-Graduação em Ciências e Tecnologias em Saúde. Brasília, Distrito Federal, Brasil.
<https://orcid.org/0000-0001-8624-0176>

2. Hospital das Plásticas de Brasília. Brasília, Distrito Federal, Brasil.
<https://orcid.org/0000-0003-1439-0321>

3. Secretaria de Estado de Saúde do Distrito Federal, Direção da Atenção Primária à Saúde, Núcleo de Vigilância Epidemiológica e Imunização. Brasília, Distrito Federal, Brasil.
<https://orcid.org/0000-0003-3043-3678>

4. Universidade de Brasília, Programa de Pós-Graduação em Ciências e Tecnologias em Saúde. Brasília, Distrito Federal, Brasil.
<https://orcid.org/0000-0002-5662-2058>

5. Universidade de Brasília, Programa de Pós-Graduação em Ciências e Tecnologias em Saúde. Brasília, Distrito Federal, Brasil.
<https://orcid.org/0000-0002-6836-3583>

Recebido: 12/10/2020
Aprovado: 25/12/2020

RESUMO

Objetivo: Analisar as variantes do vírus SARS-COV-2 causadoras da COVID-19 no Brasil, identificadas até fevereiro de 2021. **Método:** Estudo exploratório, descritivo, comparativo e quantitativo. Os dados foram adquiridos no Ministério da Saúde (MS). **Resultados:** Foram identificadas as variantes "VOC B.1.1.7, VOC202012/01 ou 201/501Y.V1" do Reino Unido, a "VOC B.1.351 ou VOC202012/02 ou 20H/501Y.V2" da África do Sul e a "VOC B.1.1.28.1 ou P.1 ou 20J/501Y.V3" do Brasil/Japão. As variantes VOV P.1 e a VOC B.1.1.7 foram as mais preponderantes do Brasil, com o universo de 334 casos, onde a primeira registrou 89,5% (n=299) e a segunda 10,5% (n=35). A região Nordeste (NE) registrou a maior preponderância das duas variantes contabilizando 32,6% (n=109) e o estado da Paraíba (PB) a maior preponderância da variante VOV P.1 com 23,1% (n=69). **Considerações finais:** As mutações do vírus SARS-CoV-2, causador da COVID-19, podem ter causado o surgimento de nova linhagem do vírus em circulação no Brasil. **Descritores:** Variantes; COVID-19 ; Brasil; Epidemiologia.

ABSTRACT

Objective: To analyze the variants of the SARS-COV-2 virus that causes COVID-19 in Brazil, identified until february 2021. **Method:** Exploratory, descriptive, comparative and quantitative study. The data were acquired at the Ministry of Health (MS). **Results:** The variants "VOC B.1.1.7, VOC202012/01 or 201/501Y.V1" from the United Kingdom, "VOC B.1.351 or VOC202012/02 or 20H/501Y.V2" from South Africa and the "VOC B.1.1.28.1 or P.1 or 20J/501Y.V3" from Brazil/Japan. The VOV P.1 and VOC B.1.1.7 variants were the most prevalent in Brazil, with a universe of 334 cases, where the first registered 89.5% (n=299) and the second 10.5% (n=35). The Northeast region (NE) registered the highest preponderance of the two variants accounting for 32.6% (n=109) and the state of Paraíba (PB) the highest preponderance of the VOV P.1 variant with 23.1% (n=69). **Final considerations:** Mutations of the SARS-CoV-2 virus, which causes COVID-19, may have caused the emergence of a new strain of the virus in circulation in Brazil. **Descriptors:** Variants; COVID-19 ; Brazil; Epidemiology.

RESUMEN

Objetivo: Analizar las variantes del virus SARS-COV-2 que causa COVID-19 en Brasil, identificadas hasta febrero de 2021. **Método:** Estudio exploratorio, descriptivo, comparativo y cuantitativo. Los datos se obtuvieron del Ministerio de Salud (MS). **Resultados:** las variantes "VOC B.1.1.7, VOC202012/01 o 201/501Y.V1" del Reino Unido, "VOC B.1.351 o VOC202012/02 o 20H/501Y.V2" de Sudáfrica y el "VOC B.1.1.28.1 o P.1 o 20J/501Y.V3" de Brasil/Japón. Las variantes VOV P.1 y VOC B.1.1.7 fueron las más prevalentes en Brasil, con un universo de 334 casos, donde la primera registró 89,5% (n=299) y la segunda 10,5% (n=35). La región Nordeste (NE) registró la mayor preponderancia de las dos variantes con 32,6% (n=109) y el estado de Paraíba (PB) la mayor preponderancia de la variante VOV P.1 con 23,1% (n=69). **Consideraciones finales:** Las mutaciones del virus SARS-CoV-2, que causa COVID-19, pueden haber causado la aparición de una nueva cepa del virus en circulación en Brasil. **Descritores:** Variantes; COVID-19 ; Brasil; Epidemiología.

Introdução

O COVID-19 é uma doença respiratória surgida recentemente, causada pela síndrome respiratória aguda grave do coronavírus 2 (SARS-CoV-2), caracterizada pelo surgimento de pneumonia, linfopenia, linfócitos “exaustos” e também, por uma verdadeira tempestade de citocinas, se tornando recentemente entendida enquanto uma severa pandemia e complexo problema de saúde pública.^{1,2} Conforme alguns pesquisadores, em dezembro de 2019, foi identificado um novo surto onde, foi possível diagnosticar pneumonia e, que se acreditava ter sido causada possivelmente, por uma nova cepa de Coronavírus, sendo seu início detectado na província de *Hubei*, na *República Popular da China*, junto a cidade de *Wuhan*, se verificando que a mesma se espalhou muito rapidamente para aproximadamente vinte e quatro (24) outras nações.^{2,3}

A presente enfermidade classificada por alguns estudiosos enquanto perigosa e complexa, possivelmente esteja intimamente relacionada ao fenômeno de pessoas que estiveram a ela expostas e, tê-la contraído, em decorrência de se encontrarem num determinado mercado chinês, que comercializava dentre os seus produtos, animais vivos, frutos do mar e muitas outras mercadorias.^{4,5} Já no dia 29 de dezembro de 2019, foram admitidas quatro (04) pessoas diagnosticadas com pneumonia num determinado hospital sediado em *Wuhan*, sendo possível reconhecer que elas haviam desenvolvido atividades laborativas num mercado do tipo atacadista, especializado na disponibilização de frutos do mar em *Huanan*.⁶

O Centro de Controle de Doenças (CDC-China) foi notificado por esta instituição hospitalar, o que permitiu que epidemiologistas e pesquisadores chineses pudessem identificar outros pacientes que estiveram vinculados ao incidente anteriormente verificado no mercado de frutos do mar e congêneres e, em 30 de dezembro de 2019, ano em que foi realizado o registro formal desse fenômeno ao CDC chinês, pelas autoridades competentes responsáveis pela saúde da província de *Hubei*.⁶ Para alguns pesquisadores, foi apontado que a propagação da COVID-19 era tamanha que a mesma se representava e apresentava num crescimento e desenvolvimento muito superior à capacidade de resposta eficiente e eficaz dos vários tipos de serviços de saúde, junto às nações europeias, por conta da complexidade e magnitude desta questão de saúde internacional.⁷

Em 22 de janeiro de 2020 foi fundado no Brasil o Centro de Operações de Emergência em Saúde Pública (COE-COVID-19) pelo Ministério da Saúde (MS), se constituindo enquanto uma série de ações, estratégias e políticas que foram adotadas, possuindo enquanto objetivo principal, nortear as inúmeras atuações positivas em resposta à emergência de saúde pública nacional e, buscando a implementação de atuações coordenadas no âmbito de todo o Sistema Único de Saúde (SUS).⁶ No dia 30 de janeiro de 2020, após o parecer de vários especialistas e pesquisadores internacionais a Organização Mundial da Saúde (OMS) pôde declarar que o fenômeno em questão, se constituía enquanto uma Emergência de Saúde Pública de Importância Internacional (ESPII), após a confirmação do registro de milhares de casos e de centenas de óbitos, diretamente relacionadas ao novo coronavírus COVID-19, derivados dos registros realizados pelas autoridades sanitárias da China.⁸

No Brasil, em de 6 de fevereiro de 2020 foi sancionada a Lei de número 13.979, que dispunha sobre as medidas para enfrentamento da emergência de

saúde pública de importância internacional, decorrente do coronavírus responsável pelo surto de 2019, se constituindo enquanto um documento legislativo, implementado enquanto forma de apoiar a sociedade civil contra o COVID-19 e os seus impactos.⁹ Esse notório dispositivo legislativo sofreu alterações por meio da Lei de 14.019, de 2 de julho de 2020, objetivando dispor sobre “a obrigatoriedade do uso de máscaras de proteção individual, para circulação em espaços públicos e privados acessíveis, em vias públicas e em transportes públicos, sobre a adoção de medidas de assepsia de locais de acesso, inclusive transportes públicos, e sobre a disponibilização de produtos saneantes aos usuários durante a vigência das medidas para enfrentamento da emergência de saúde coletiva de importância internacional decorrente da pandemia da COVID-19”.¹⁰

A palavra “corona” possui ascendência do latim e possui enquanto significação coroa, identificada essa característica por meio de sua visualização guiada por meio de microscopia do tipo eletrônica, por conta destes vírus se encontrarem na forma de círculos, representando uma espécie de “espículas” que terminam em “gotículas”, parecendo uma verdadeira coroa.¹¹ A patologia que este complexo vírus produz é designada enquanto COVID-19, onde, pode ser entendido que a sigla “CO” significa coroa, “VI” é utilizado para representar um vírus e a letra “D” está relacionada a doença, sendo que no passado, ela era chamada de “2019 novo Coronavírus” ou ainda, de “2019-nCoV”, sendo que o *Coronavirus Study Group of the International Virus Taxonomy Committee* (Grupo de Estudos de Coronavírus do Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus) propôs que o vírus se fosse designado de SARS-Cov-2.^{12,13}

Nesse contexto epidemiológico, é apontada a necessidade de desenvolvimento de políticas, estratégias e metodologias de ação, para o controle e proteção da sociedade, dos profissionais da saúde e das pessoas que se encontram mais vulneráveis ao COVID-19, objetivando minimizar a sua transmissibilidade, mortalidade e impactos derivados de sua magnitude.^{14,15} Nesse sentido, se constituiu enquanto objetivo da presente pesquisa, analisar as variantes do vírus SARS-COV-2 causadoras da COVID-19 no Brasil, identificadas até fevereiro do ano de 2021.

Método

Trata-se de uma pesquisa classificada enquanto exploratória, descritiva, comparativa e caracterizada por uma abordagem quantitativa, que objetivou analisar as variantes do vírus “SARS-COV-2” causador da COVID-19, no recorte geográfico formada pelo “Brasil”, identificadas até o período de fevereiro de “2021”. Para facilitar o processo de aquisição dos dados necessários à edificação da presente pesquisa, os mesmos foram adquiridos junto à Secretaria de Vigilância em Saúde (SVS) do Ministério da Saúde (MS), acessados em seu portal eletrônico no endereço [<https://www.gov.br/saude/pt-br>].

Os dados relacionados às variantes identificadas do vírus SARS-COV-2 causadores da COVID-19 no Brasil, foram gerados após realização de análise desenvolvida na “Semana Epidemiológica 8” (21/02/2021 a 27/02/2021). Nesse sentido, se compreende que a SVS/MS, desenvolveu o processo de levantamento semanal dos dados junto às respectivas Secretarias Estaduais de Saúde (SES), em relação aos resultados dos sequenciamentos implementados que as mesmas, possuem acesso, no que se refere as notificações.²¹

Também foram realizados levantamentos bibliográficos informatizados junto a base de dados eletrônicas, sendo as mesmas o Google Acadêmico (Google Scholar), a Biblioteca Virtual em Saúde (BVS), Minerva-UFRJ, Saber-USP, Teses-FIOCRUZ, adquirindo desta forma artigos de periódicos científicos, documentos oficiais e legislação correlata. Foram também utilizados os Descritores em Ciências da Saúde (DeCS) da BVS, identificados junto ao endereço eletrônico [<https://decs.bvsalud.org/>], sendo os mesmos, “epidemiologia” com o identificador DeCS “28566” e o ID do descritor “D004813”, “infecções por coronavírus” com o identificador DeCS “31543” e o ID do descritor “D018352”, “inquéritos epidemiológicos” com o identificador DeCS “28627” e o ID do descritor “D006306”, “pandemias” com o identificador DeCS “54399” e o ID do descritor “D058873”, “políticas públicas de saúde” com o identificador DeCS “50207” e o ID do descritor “DDCS050207”, “saúde pública” com o identificador DeCS “28455” e o ID do descritor “D011634”, “síndrome respiratória aguda grave” com o identificador DeCS “37050” e o ID do descritor “D045169”.

Foi utilizado o software Microsoft Excel 2016®, pertencente ao Pacote Microsoft Office 2016® for Windows®, para o processo de organização e análise dos dados adquiridos e, objetivando ampliar o processo interpretativo, foi realizada análise estatística do tipo descritiva, sendo implementados os cálculos percentuais (%). Os resultados foram apresentados no formato de uma (1) tabela explicativa, um (1) quadro e três (3) figuras, sendo que a utilização de mapas das regiões brasileiras e unidades federativas (UF), também se constituíram enquanto estratégias de melhor interpretação dos achados. Os autores da presente pesquisa declaram a inexistência de conflitos de interesses.

Resultados

No processo de organização e análise dos dados, foi possível realizar a identificação de algumas variantes relacionadas ao COVID-19, sendo que as mesmas, se encontravam mais preponderantes junto às nações insulares do Reino Unido (Inglaterra, Escócia, País de Gales e Irlanda do Norte), África do Sul e Brasil/Japão, conforme exposto junto ao quadro 1. Já no item especificações, foram expostas questões relacionadas ao processo de coleta das amostras biológicas das variantes identificadas do COVID-19, data em que elas foram coletadas, processo de notificação pelas respectivas nações e a sua transmissibilidade local.

Quadro 1 – Distribuição das diferentes variantes identificadas do COVID-19 por localidade e especificações:*

Variantes	Localidade	Especificações
VOC B.1.1.7, VOC202012/01 ou 201/501Y.V1	Reino Unido	Identificada em amostras de “20 de setembro de 2020”, já foi notificada por 94 países, sendo que 8 países notificaram casos na semana anterior à data da publicação. A transmissão local foi informada por 47 países.
VOC B.1.351 ou VOC202012/02 ou 20H/501Y.V2	África do Sul	Identificada em amostras do começo de “agosto de 2020”, já foi notificada por 46 países, sendo que 2 países notificaram casos na semana anterior à data da publicação. A

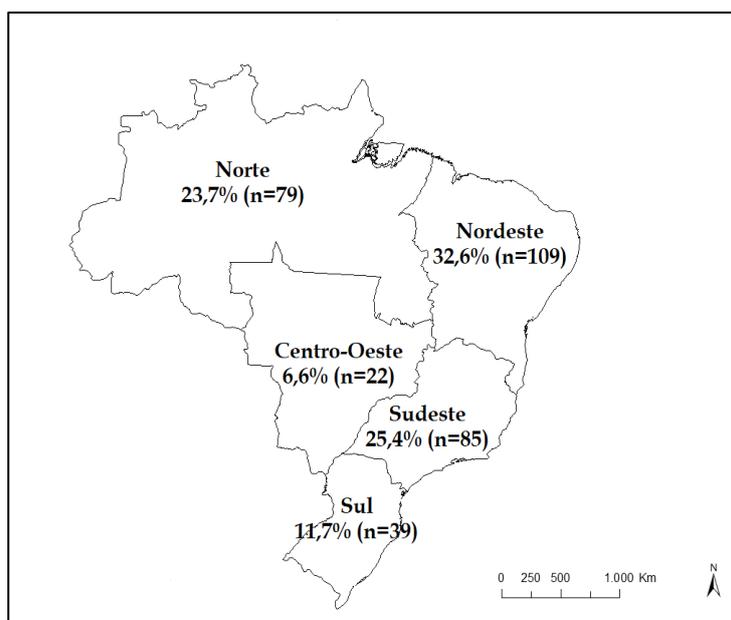
		transmissão local foi informada por 12 países.
VOC B.1.1.28.1 ou P.1 ou 20J/501Y.V3	Brasil/Japão	Identificada em amostras de “dezembro de 2020”, já foi notificada por 21 países, sendo que 6 países notificaram casos na semana anterior à data da publicação. A transmissão local foi informada por 2 países.

Fonte: Adaptado da SVS/MS, 2021.

* Semana Epidemiológica 8 (21 a 27/2/2021).

Já na figura 1, é apresentada a distribuição dos casos registrados de variantes de atenção do COVID-19, segundo às respectivas regiões brasileiras, sendo identificado o universo de 334 registros. A região Nordeste (NE) contabilizou a maior preponderância com 32,6% (n=109) e o Centro-Oeste (CO) a menor com 6,6% (n=22).

Figura 1 - Distribuição dos casos registrados de variantes de atenção VOV P.1 e VOC B.1.1.7, segundo as regiões no Brasil, até a semana epidemiológica 8* (n=334):



Fonte: Adaptado da SVS/MS, 2021.

* Semana Epidemiológica 8 (21 a 27/2/2021).

Quando analisadas as variantes identificadas no Brasil, foi identificado que a “VOV P.1” obteve a maior preponderância com 89,5% (n=299) e a “VOC B.1.1.7” a menor com 10,5% (n=35) conforme exposto na tabela 1. Já quando analisada a maior frequência de variantes de atenção do COVID-19 por unidades federativas (UF), foi verificado que a Paraíba (PB) registrou a maior preponderância com 20,7% (n=69) e a menor preponderância, empatadas cada uma com um registro, foram encontrados o Maranhão (MA), o Piauí (PI), Sergipe (SE) e Tocantins (TO) que registraram respectivamente 0,3% (n=1).

Tabela 1 – Distribuição dos casos de variantes de atenção, segundo as unidades federativas, no Brasil até a semana epidemiológica 8 (n=334*):

UF **, ***	VOV P.1 (%)	VOC B.1.1.7 (%)	Total (%)
Paraíba	69 (23,1)	-	69 (20,7)
Amazonas	60 (20,1)	-	60 (18)
São Paulo	41 (13,7)	11 (31,4)	52 (15,6)
Goiás	20 (6,7)	2 (5,7)	22 (6,6)
Paraná	20 (6,7)	2 (5,7)	22 (6,6)
Rio Grande do Norte	15 (5)	-	15 (4,5)
Bahia	11 (3,7)	6 (17,1)	17 (5,1)
Pará	11 (3,7)	-	11 (3,3)
Rio de Janeiro	9 (3)	1 (2,9)	10 (3)
Rio Grande do Sul	9 (3)	-	9 (2,7)
Santa Catarina	8 (2,7)	-	8 (2,4)
Minas Gerais	7 (2,3)	13 (37,1)	20 (6)
Roraima	7 (2,3)	-	7 (2,1)
Ceará	3 (1)	-	3 (0,9)
Espírito Santo	3 (1)	-	3 (0,9)
Alagoas	2 (0,7)	-	2 (0,6)
Maranhão	1 (0,3)	-	1 (0,3)
Piauí	1 (0,3)	-	1 (0,3)
Sergipe	1 (0,3)	-	1 (0,3)
Tocantins	1 (0,3)	-	1 (0,3)
Total	299 (100)	35 (100)	334 (100)

Fonte: Adaptado das Secretarias Estaduais de Saúde (SES), SVS/MS, 2021.

* Dados atualizados em 1º de março de 2021, sujeitos a revisões.

** UF: Unidade federativa.

*** UF onde foi realizada a coleta da amostra.

Na figura 2 é demonstrada esquematicamente a distribuição de casos da variante de atenção do tipo VOV P.1, segundo as UFs brasileiras, até a semana epidemiológica 8, sendo possível identificar o universo de 299 registros, em vinte estados, sendo eles o Amazonas (AM), Alagoas (AL), Bahia (BA), Ceará (CE), Espírito Santo (ES), Goiás (GO), Maranhão (MA), Minas Gerais (MG), Pará (PA), Paraíba (PB), Paraná (PR), Piauí (PI), Rio de Janeiro (RJ), Rio Grande do Norte (RN), Rio Grande do Sul (RS), Roraima (RR), Santa Catarina (SC), São Paulo (SP), Sergipe (SE) e o Tocantins (TO). As UFs do Acre (AC), Amapá (AP), Distrito Federal (DF), Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS), Pernambuco (PE), Rondônia (RO), não contabilizaram registros de variantes de atenção do tipo “VOV P.1”.

Figura 2 - Distribuição dos casos de variantes de atenção do tipo VOV P.1, segundo as UF, no Brasil até a semana epidemiológica 8 (n=299*):



Fonte: Adaptado das Secretarias Estaduais de Saúde (SES), SVS/MS, 2021.

* Dados atualizados em 1º de março de 2021, sujeitos a revisões.

** UF: Unidade federativa.

*** UF onde foi realizada a coleta da amostra.

Na figura 3, é demonstrada esquematicamente a distribuição de casos da variante de atenção do tipo VOC B.1.1.7, segundo as UFs brasileiras, até a semana epidemiológica 8, sendo possível identificar o universo de 35 em seis (06) estados, sendo eles Bahia (BA), Goiás (GO), Minas Gerais (MG), Paraná (PR), Rio de Janeiro (RJ), São Paulo (SP). As UFs do Acre (AC), Amazonas (AM), Alagoas (AL), Ceará (CE), Distrito Federal (DF), Espírito Santo (ES), Maranhão (MA), Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS), Pará (PA), Paraíba (PB), Pernambuco (PE), Piauí (PI), Rio Grande do Norte (RN), Rio Grande do Sul (RS), Rondônia (RO), Roraima (RR), Santa Catarina (SC), Sergipe (SE), Tocantins (TO), casos de variantes de atenção do tipo VOC B.1.1.7.

Figura 3 - Distribuição dos casos de variantes de atenção do tipo VOC B.1.1.7, segundo as UF, no Brasil até a semana epidemiológica 8 (n=35*):



Fonte: Adaptado das Secretarias Estaduais de Saúde (SES), SVS/MS, 2021.

* Dados atualizados em 1º de março de 2021, sujeitos a revisões.

** UF: Unidade federativa/*** UF onde foi realizada a coleta da amostra.

Discussão

A Organização Mundial da Saúde (OMS), em articulação com as várias autoridades nacionais, instituições de saúde, pesquisadores e especialistas, continua no desenvolvimento atento e monitoramento dos inúmeros eventos de saúde coletiva, intimamente associados direta e indiretamente às variantes do “SARS-CoV-2”, fornecendo atualizações diárias sobre este complexo fenômeno, no momento em que informações se tornam acessíveis.¹⁶ Nesse sentido, é possível inferir que o vírus “SARS-CoV-2”, assim como muitos outros vírus, podem sofrer processos de mutação(ões) esperada(s) e, para ser possível avaliar a sua caracterização do tipo genômica, um determinado quantitativo das suas respectivas amostras, devem ser confirmadas por conta da RT-qPCR que são enviadas para a realização do seu sequenciamento genômico.^{17,18}

Assim, a RT-qPCR se constitui enquanto uma nova técnica laboratorial, atualmente considerada enquanto *gold standard*, ou seja, “padrão ouro”, para o diagnóstico da COVID-19, conforme preceituado pela OMS, se constituindo enquanto uma derivação das descobertas implementadas pelo bioquímico estadunidense Dr. *Karry Mullis* na década de 80, possuindo enquanto uma das suas principais características, a detecção e também, na quantificação do processo de fluorescência, emitida durante cada ciclo de uma reação desenvolvida pela Reação em Cadeia de Polimerase (PCR) e ainda, em relação a sua sensibilidade na constatação de poucas cópias de ácido desoxirribonucleico (DNA) presentes em uma respectiva amostra.^{18,19} Após o processo de caracterização do tipo genômica inicial do “SARS-CoV-2”, este vírus pode ser fragmentado em diferentes grupos genéticos, também conhecidos enquanto clados e, quando surgiram alguns tipos de mutações específicas, estas podem se estabelecer num novo tipo de linhagem, ou seja, outro grupo genético do referido vírus que se encontra em circulação.^{17,18,19}

Segundo o Centro Europeu de Prevenção e Controle das Doenças (*European Centre for Disease Prevention and Control - ECDC*), quando esse fenômeno ocorre, o mesmo, se caracteriza enquanto uma nova forma de variante do respectivo agente viral e, quando as suas respectivas mutações ocasionam no surgimento de alterações relevantes do tipo clínico-epidemiológicas, vai se permitido o surgimento de maior gravidade e ainda, de maior potencial de infectividade.²⁰ Nesse sentido, essa variante é classificada enquanto “VOC”, do idioma inglês, “*variant of concern*”, em português podendo ser traduzido para “variante de atenção” e/ou “preocupação”, sendo que estas variantes de atenção e/ou preocupação (VOC), são indiscutivelmente consideradas enquanto preocupantes, devido às respectivas mutações, que indicam aumento do processo de transmissibilidade e ainda, ao seu agravamento de situação(ões) epidemiológica(s) junto à(s) área(s) onde as mesmas forem respectivamente identificadas.²⁰

Segundo o MS, em 9 de janeiro de 2021 a variante de atenção no Brasil “P.1”, foi identificada inicialmente no Japão, entre alguns viajantes que estiveram no estado de Manaus, no Amazonas (AM) e, dias depois, pesquisadores brasileiros puderam identificá-la em amostras de determinados pacientes também de Manaus, sendo possível realizar a coleta de amostras de material para realização de exames para posterior diagnóstico, em dezembro de 2020.²¹ Desta forma e, considerando que o processo de sequenciamento genômico está sendo

implementado por várias instituições laboratoriais do país e que, nem todos eles pertencem ao que é conhecido enquanto Rede Nacional de Laboratórios de Saúde Pública, um grande quantitativo de resultados podem ter sido notificados apenas na dimensão municipal ou estadual ou, ainda mesmo, não conseguiram ser notificados a nenhum órgão do Sistema Único de Saúde (SUS).²¹

Por outro lado, os respectivos resultados podem também ter sido apenas depositados junto a sites abertos de sequenciamento genômico, dificultando o processo de registros global dos respectivos casos.^{20,21} No Brasil, a organização do Sistema Nacional de Laboratórios de Saúde Pública (SISLAB), foi instituída por meio da portaria do MS de número 2.031, de 23 de setembro de 2004, onde o mesmo se constitui enquanto um conjunto de redes nacionais de laboratórios, organizadas em sub-redes, por agravos ou programas, de forma hierarquizada por grau de complexidade das atividades relacionadas à vigilância em saúde, compreendendo a vigilância epidemiológica e vigilância em saúde ambiental, vigilância sanitária e assistência médica.²²

A complexidade desta temática é tamanha que, analisando a mesma junto ao caribe, foi possível verificar a existência de variantes nos genes “ACE2” e “TMPRSS2”, que se encontravam potencialmente associadas à questão da suscetibilidade ou ainda, à gravidade gerada pelo COVID-19, embora a literatura científica aponte em relação a este assunto, que ela seja esparsa e mal sistematizada.²³ Nesse sentido, é possível inferir que algumas das referidas variantes, estivessem distribuídas de forma diferentes, entre as populações pertencentes ao continente africano, americano, asiático e europeu, ou ainda, se encontravam associadas potencialmente ao processo de ampliação, susceptibilidade e ainda, de sua gravidade em relação ao COVID-19.²³

As autoridades responsáveis no Reino Unido, notificaram no dia 14 de dezembro de 2020 à OMS, a existência de uma variante denominada enquanto “SARS-CoV-2 VOC 202012/01” ou “B.1.1.7.”, sendo que a referida cepa, carregava o quantitativo de aproximadamente 14 mutações definidoras, incluindo 7 junto a proteína S.²⁴ Nesse contexto e, dentre essas 7 citadas, se encontrava a mutação “N501Y”, que se representava associada a uma maior afinidade do vírus, por conta do seu receptor “ACE-2”, o que nesse sentido, pode explicar sua expansão caracterizada de forma rápida.²⁴

A realização de recentes experimentos demonstraram que o processo de “eliminação” de aminoácidos, vem permitir mais facilmente que o novo coronavírus, infecte as estruturas citológicas com maior facilidade, sendo que, até o presente momento, a referida cepa tenha sido encontrada em aproximadamente setenta (70) nações, e destes, o quantitativo de vinte e nove (29) tem a possibilidade de serem transmitidos localmente, o que agravou a(s) condição(ões) epidemiológica(s) junto ao Reino Unido, Portugal e outros países localizados na Europa, em meados de dezembro de 2020 e em janeiro de 2021.²⁵ As autoridades sanitárias nacionais da África do Sul, anunciaram em 18 de dezembro de 2020, a detecção de um novo tipo de variante do “SARS-CoV-2” designada enquanto “B.1.351” (ou 501Y.V2), devido à presença do processo de mutação “N501Y”.²⁶

Não obstante a variante do tipo “B.1.1.7” também tenha desenvolvido a mutação “N501Y”, a realização das análises filogenéticas, demonstraram que a variante classificada enquanto “B.1.351”, detectada junto à África do Sul, possui sua origem diferente.²⁶ O Japão notificou no dia 9 de janeiro de 2021 à OMS, o surgimento de uma nova variante do “SARS-CoV-2”, “P1”, ou seja, a mesma é

inicialmente relatada como “B.1.1.248”, tendo sido possível detectá-la em quatro (04) pessoas do Brasil, que se encontravam viajando, sendo que essa variante não se encontrava geneticamente relacionada às variantes do tipo “SARS-CoV-2 B.1.1.7” e também “B.1.351”, tendo sido identificada no mês de dezembro do ano de 2020, na cidade Manaus no Amazonas (AM), no Brasil.²⁷

Esta variante possui o quantitativo de doze (12) mutações junto a proteína “S”, incluindo três (03) mutações de interesse comum com “B.1.351”, ou seja, “K417N”/“T”, “E484K” e “N501Y”, que podem permitir com que seja afetada a transmissibilidade, além do processo de resposta imune.²⁷ O processo chamado enquanto convergência evolutiva, pode está relacionado com o fenômeno dessas referidas cepas, terem origens descritas enquanto diferentes, entretanto, possuírem os mesmos fenômenos de mutação e, sendo assim, essa designação é dada quando as características são similares e selecionadas em localidades diferentes, porque representam vantagens claras, por exemplo, de transmissibilidade maior e a replicação com sucesso.²⁸

É importante mencionar também, o que foi defendido por alguns pesquisadores, no que se refere a mutação nomeada enquanto “E484K”, em relação a cepa brasileira “P.2”, que foi identificada pela primeira vez no mês de outubro do ano de 2020, sendo defendido que a mesma se constituía enquanto a mais prevalente entre as cepas identificadas em pessoas que se encontravam em tratamento de saúde.²⁹ Desta forma, também foi possível realizar a identificação da existência de outros sinais e sintomas já no mês de novembro, no estado do Rio de Janeiro, no Brasil.²⁹

Conforme os dados derivados da Rede Genômica Fiocruz, presentes no endereço eletrônico [<http://www.genomahcov.fiocruz.br/>], foi possível evidenciar pelos pesquisadores de diversos institutos da Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ) que, desde os primeiros momentos conhecidos de emergência, em relação às cepas do tipo “P.1” e também “P.2” no mês de outubro de 2020, apenas durante quatro (4) meses, elas eram responsáveis por aproximadamente setenta e cinco por cento (75%) de todas as cepas que haviam sido sequenciadas no território nacional brasileiro.³⁰ São instituições participantes da Rede Genômica Fiocruz, o Instituto Aggeu Magalhães (IAM), o Instituto Carlos Chagas (ICC), o Instituto Oswaldo Cruz (IOC), o Instituto Gonçalo Moniz (IGM), o Instituto Nacional de Controle de Qualidade em Saúde (INCQS), o Instituto René Rachou (IRR) e o Escritório Técnico do Ceará e a Unidade de Apoio ao Diagnóstico da COVID (UNADIG).³¹

Os dados derivados das pesquisa desenvolvidas pela Rede Genômica Fiocruz e/ou depositados junto à Plataforma GISAID por outras instituições, seguem rigorosamente os padrões internacionais estabelecidos de nomenclaturas relacionadas as viroses respiratórias, das principais linhagens do SARS-CoV-2 encontradas no Brasil.³² Por outro lado, conforme exposto por alguns pesquisadores, na cidade brasileira de Manaus, no Amazonas (AM), entendida enquanto o principal centro financeiro, mercantil e corporativo economicamente da região Norte (N), foi verificado que as duas linhagens identificadas, correspondiam a aproximadamente 97,8% de todas as amostras virais sequenciadas, até o mês de janeiro do ano de 2021.²⁷

Segundo dados disponibilizados pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), Manaus (AM) se constitui enquanto a cidade brasileira mais populosa do estado do Amazonas, de toda a Amazônia brasileira, da região Norte (N), estando localizada geograficamente junto ao centro da maior floresta

tropical do mundo e ainda, possuindo uma população estimada em aproximadamente 2.219.580 habitantes no ano de 2020.^{33,34} Além das questões e fatos apresentados, no que se refere a diferentes variantes identificadas do COVID-19 até o presente momento, é verificado junto a literatura científica nacional e internacional, o surgimento de outras no Brasil, na África do Sul, nos Estados Unidos da América (EUA), na França, no Japão e, em muitas outras nações, o que aponta para a importância e a necessidade de maior atenção à referida temática, bem como, para o desenvolvimento de outras ações para o seu combate e controle sistematizado.^{27,35,36,37,38,39,40}

Considerações finais

Por meio da presente pesquisa, foi possível identificar duas (02) variantes relacionadas ao COVID-19 em várias UFs do Brasil, sendo elas a “VOV P.1” e a “VOC B.1.1.7” e nesse sentido, é de fundamental importância que os esforços no combate e controle a esses problemas de saúde pública sejam redobrados. Apesar do estudo possuir limitações, o mesmo ofereceu genuína contribuição no que se refere a um maior conhecimento do surgimento de variantes do COVID-19 no Brasil.

O fenômeno do surgimento de variantes do COVID-19 está intimamente relacionado à várias questões, como por exemplo, a reduzida utilização da máscara de proteção e também de higienização das mãos, utilizando água e sabão e/ou álcool em gel, além da frágil realização de cuidados, como por exemplo, quando tossir ou espirar, cobrir a boca com o antebraço, conforme técnica preconizada. Outra questão também identificada e, que pode estar relacionada, ao surgimento das variantes do COVID-19 no Brasil, é a diminuída implementação do isolamento social, proposto para o combate à(s) aglomeração(ões) de pessoas, desrespeitado por uma parcela considerável da sociedade, constatada fortemente pelos vários veículos informativos, jornalísticos e comunicacionais cotidianos.

Outros fenômenos que podem também estar contribuindo para o surgimento e aumento de variantes do COVID-19 no Brasil, são as aglomerações sociais persistentemente, o fenômeno da organização de festas e eventos clandestinos de entretenimento, relacionados ao descumprimento das inúmeras medidas sanitárias preventivas, instituídas pelos governos em todas as esferas políticas, e ainda, o reduzido conhecimento em relação à enfermidade em questão, dos seus impactos diretos e indiretos, além de seus desdobramentos na saúde pública nacional. A intensificação do processo de imunização da população em todas as suas faixas etárias, também se constitui enquanto poderosa estratégia de combate e controle do COVID-19 e de suas variantes não somente no Brasil, mas em todas as outras nações.

O apoio às instituições de ensino superior (IES) e centros de desenvolvimento de ciência, pesquisa e de inovação nacionais, também devem ser ampliados, objetivando permitir a garantia de aquisição de insumos farmacêuticos ativos (IFA) para a produção imunobiológicos e posterior vacinação de toda a sociedade. Nesse sentido, é percebida a necessidade de desenvolvimento de outros mecanismos e políticas públicas em todas as esferas nacionais brasileiras, objetivando mitigar e coibir com que o COVID-19 e as suas variantes, não tragam consequências irreparáveis na atualidade e às próximas gerações.

Cabe aos profissionais de saúde e pesquisadores, as organizações políticas em todas as suas dimensões representativas e a sociedade como um todo, multiplicar o desenvolvimento de esforços, objetivando reforçar as medidas de controle e combater ao Covid-19 e as suas variantes, reduzindo efetivamente o seu processo de transmissibilidade e de mortalidade. Outros estudos e pesquisas que possuam enquanto objetivo, analisar o surgimento de variantes relacionadas ao COVID-19 no Brasil, seus impactos diretos e indiretos na sociedade, além das diferenças dessa emergente questão nas várias UFs, devem ser incentivados objetivando permitir maior elucidação desse complexo fenômeno, trazendo desta forma, a “paz no coração da criatura humana”.

Agradecimentos

Essa pesquisa não recebeu financiamento para sua realização.

Referências

1. Cao X. COVID-19: immunopathology and its implications for therapy. *Nat Rev Immunol.* 2020; 20:269–270. doi: <https://doi.org/10.1038/s41577-020-0308-3>.
2. Peng X, Xu X, Li Y, Cheng L, Zhou X, Ren B. Transmission routes of 2019-nCoV and controls in dental practice. *Int J Oral Sci.* 2020;12(1):9. doi: <https://doi.org/10.1038/s41368-020-0075-9>.
3. Velavan TP, Meyer CG. The COVID-19 epidemic. *Trop Med Int Health.* 2020;25(3):278-280. doi: [10.1111/tmi.13383](https://doi.org/10.1111/tmi.13383).
4. Perlman S. Another decade, another coronavirus. *N Engl J Med.* 2020; 382:760-762. doi: <https://doi.org/10.1056/NEJMe2001126>.
5. Zhu N, Zhang D, Wang W, et al. A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med.* 2020. 382: 727-733. doi: <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2001017>.
6. Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Centro de Operações de Emergências em Saúde Pública - COE-COVID-19. Plano de Contingência Nacional para Infecção Humana pelo novo Coronavírus COVID-19. Brasília: MS. 2020. 24p.
7. Estevão A. COVID-19. *Acta Radiológica Portuguesa.* 2020;32(1):5-6. doi: <https://doi.org/10.25748/arp.19800>.
8. Sociedade Brasileira de Pediatria. Documento Científico. Departamento Científico de Infectologia. Novo coronavírus (COVID-19). 2020.12p.
9. Brasil. Presidência da República. Secretaria-Geral. Subchefia para Assuntos Jurídicos. Lei nº 13.979, de 6 de fevereiro de 2020. Dispõe sobre as medidas para enfrentamento da emergência de saúde pública de importância internacional decorrente do coronavírus responsável pelo surto de 2019. Disponível em: [http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2019-2022/2020/lei/L13979.htm]. Acesso em: 14 jun 2020.
10. Brasil. Presidência da República. Secretaria-Geral. Subchefia para Assuntos Jurídicos. Lei nº 14.019, de 2 de julho de 2020. Altera a Lei nº 13.979, de 6 de fevereiro de 2020, para dispor sobre a obrigatoriedade do uso de máscaras de proteção individual para circulação em espaços públicos e privados acessíveis ao público, em vias públicas e em transportes públicos, sobre a adoção de medidas de assepsia de locais de acesso público, inclusive transportes públicos, e sobre a disponibilização de produtos saneantes aos usuários durante a vigência das

medidas para enfrentamento da emergência de saúde pública de importância internacional decorrente da pandemia da Covid-19. Disponível em: [http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato20192022/2020/lei/L14019.htm#art2]. Acesso em: 22 mar 2021.

11. Su S, Wong G, Shi W, et al. Epidemiology, Genetic Recombination, and Pathogenesis of Coronaviruses. *Trends Microbiol.* 2016;24(6):490-502. doi: <https://doi.org/10.1016/j.tim.2016.03.003>.

12. Ruan Q, Yang K, Wang W, et al. Clinical predictors of mortality due to COVID-19 based on an analysis of data of 150 patients from Wuhan, China. *Intensive Care Med.* 2020;46:846-848. doi: <https://doi.org/10.1007/s00134-020-05991-x>.

13. Zhang W, Jiang X. Measures and suggestions for the prevention and control of the novel Coronavirus in dental institutions. *Front Oral Maxillofac Med.* 2020;2:4. doi: <https://doi.org/10.21037/fomm.2020.02.01>.

14. American College of Radiology. Recommendations for the use of chest radiography and computed tomography (CT) for suspected COVID-19 infection. 2020. Available in: [<https://www.acr.org/Advocacy-and-Economics/ACR-Position-Statements/Recommendations-for-Chest-Radiography-and-CT-for-Suspected-COVID19-Infection>]. Access in: 14 jun 2020.

15. Epidemiology Working Group for NCIP Epidemic Response, Chinese Center for Disease Control and Prevention. *Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi.* 2020;41(2):145-151. doi: <https://doi.org/10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2020.02.003>.

16. World Health Organization. COVID-19 Weekly Epidemiological Update. Data as received by WHO from national authorities, as of 14 February 2021, 10 am CET. Available in: [<https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update---16-february-2021>]. Access in: 23 mar 2021.

17. World Health Organization. SARS-CoV-2 genomic sequencing for public health goals: Interim guidance, 8 January 2021.

18. Organização Mundial da Saúde. Organização Pan-Americana de Saúde. Atualização epidemiológica: Ocorrência das variantes de SARS-CoV-2 nas Américas. 2021.

19 - Kubista M, Andrade JM, Bengtsson M, Forootan A, Jonák J, Lind K, et al. The real-time polymerase chain reaction. *Molecular Aspects of Medicine.* 2006;27(2-3):95-125. doi: <https://doi.org/10.1016/j.mam.2005.12.007>.

20. European Centre for Disease Prevention and Control. COVID-19. Available in: [<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19>]. Access in: 23 mar 2021.

21. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. *Boletim Epidemiológico Especial. Doença pelo Coronavírus COVID-19. Número 52.* Brasília, MS. 2021. 85p.

22. Brasil. Ministério da Saúde. Gabinete do Ministro. Portaria nº 2.031, de 23 de setembro de 2004. Dispõe sobre a organização do Sistema Nacional de Laboratórios de Saúde Pública. Disponível em: [http://bvsm.sau.gov.br/bvs/sau/legis/gm/2004/prt2031_23_09_2004.html]. Acesso em: 23 de março 2021.

23. Almaguer-Mederos L, Cuello-Almarales D, Almaguer-Gotay D. Rol de los genes ACE2 y TMPRSS2 en la susceptibilidad o gravedad de la COVID-19. *Anales de la Academia de Ciencias de Cuba.* 2020;10(2): e799. especial COVID-19. Disponible en: [<http://www.revistaccuba.sld.cu/index.php/revacc/article/view/799>].

24. Rambaut A, Loman N, Pybus O, et al. Preliminary genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in the UK defined by a novel set of spike mutations - SARS-CoV-2 coronavirus/nCoV-2019 Genomic Epidemiology - Virological. Available in: [<https://virological.org/t/preliminary-genomic-characterisation-of-an-emergent-sars-cov-2-lineage-in-the-uk-defined-by-a-novel-set-of-spike-mutations/563>]. Access in: 7 feb 2021.
25. American Society for Microbiology. Home. Articles. Lee R. B.1.1.7: What We Know About the Novel SARS-CoV-2 Variant. asm.org. Available in: [<https://asm.org/Articles/2021/January/B-1-1-7-What-We-Know-About-the-Novel-SARS-CoV-2-Va>]. Access in: 05 feb 2021.
26. Tegally H, Wilkinson E, Giovanetti M, et al. Emergence and rapid spread of a new severe acute respiratory syndrome-related coronavirus 2 (SARS-CoV-2) lineage with multiple spike mutations in South Africa. Med Rxiv 2020; 10. doi: <https://doi.org/10.1101/2020.12.21.20248640>.
27. Freitas ARR, Giovanetti M, Alcantara LCJ. Emerging variants of SARS-CoV-2 and its public health implications. Interamerican Journal Medicine and Health. 2021; 4. doi: <https://doi.org/10.31005/iajmh.v4i.181>.
28. Buss LF, Prete C, Abraham CAJ, et al. Three-quarters attack rate of SARS-CoV-2 in the Brazilian Amazon during a largely unmitigated epidemic. Science.2020; 371: Issue: 6526: 288-292. doi: <https://doi.org/10.1126/science.abe9728>.
29. Voloch CM, da Silva Francisco R Jr, de Almeida LGP, Cardoso CC, Brustolini OJ, Gerber AL, Guimarães APC, Mariani D, da Costa RM, Ferreira OC Jr; Covid19-UFRJ Workgroup, LNCC Workgroup, Adriana Cony Cavalcanti, Frauches TS, de Mello CMB, Leitão IC, Galliez RM, Faffe DS, Castiñeiras TMPP, Tanuri A, de Vasconcelos ATR. Genomic characterization of a novel SARS-CoV-2 lineage from Rio de Janeiro, Brazil. J Virol. 2021 Mar 1;JVI.00119-21. doi: <https://doi.org/10.1128/JVI.00119-21>.
30. Fundação Oswaldo Cruz. Rede Genômica Fiocruz. Disponível em: [<http://www.genomahcov.fiocruz.br/>]. Acesso em: 26 março 2021.
31. Fundação Oswaldo Cruz. Rede Genômica Fiocruz. Pesquisadores e instituições. Disponível em: [<http://www.genomahcov.fiocruz.br/a-rede/>]. Acesso em: 27 março 2021.
32. Fundação Oswaldo Cruz. Rede Genômica Fiocruz. Gráficos demonstrativos. Disponível em: [<http://www.genomahcov.fiocruz.br/principais-linhagens-do-sars-cov-2-encontradas-no-brasil/>]. Acesso em: 28 março 2021.
33. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Agência IBGE de notícias. Sala de imprensa. Estatísticas sociais. IBGE divulga estimativa da população dos municípios para 2020. Disponível em: [<https://agenciadenoticias.ibge.gov.br/agencia-sala-de-imprensa/2013-agencia-de-noticias/releases/28668-ibge-divulga-estimativa-da-populacao-dos-municipios-para-2020>]. Acesso em: 28 março 2021.
34. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Brasil. Amazonas. Manaus. Disponível em: [<https://cidades.ibge.gov.br/brasil/am/manaus/panorama>]. Acesso em: 27 março 2021.
35. Naveca F, Nascimento V, Souza V et al. COVID-19 epidemic in the Brazilian state of Amazonas was driven by long-term persistence of endemic SARS-CoV-2 lineages and the recent emergence of the new Variant of Concern P.1, 25 February 2021, PREPRINT (Version 1) available at Research Square. doi: <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-275494/v1>.
36. Paiva MHS, Guedes DRD, Docena C, Bezerra MF, Dezordi FZ, Machado LC,

Krokovsky L, Helvecio E, da Silva AF, Vasconcelos LRS, Rezende AM, da Silva SJR, Sales KGdS, de Sá BSLF, da Cruz DL, Cavalcanti CE, Neto AdM, da Silva CTA, Mendes RPG, da Silva MAL, Gräf T, Resende PC, Bello G, Barros MdS, do Nascimento WRC, Arcoverde RML, Bezerra LCA, Brandão-Filho SP, Ayres CFJ, Wallau GL. Multiple Introductions Followed by Ongoing Community Spread of SARS-CoV-2 at One of the Largest Metropolitan Areas of Northeast Brazil. *Viruses*. 2020; 12(12):1414. doi: <https://doi.org/10.3390/v12121414>.

37. Nascimento VA do, Corado A de LG, Nascimento FO do, Costa ÁKA da, Duarte DCG, Luz SLB, Gonçalves LMF, Jesus MS de, Costa CF da, Delatorre E, Naveca FG. Genomic and phylogenetic characterisation of an imported case of SARS-CoV-2 in Amazonas State, Brazil. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*. 2020; 115, e200310. doi: <https://doi.org/10.1590/0074-02760200310>.

38. Delatorre E, Mir D, Gräf T, Bello G. Tracking the onset date of the community spread of SARS-CoV-2 in western countries. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*. 2020; 115: e200183. doi: <https://doi.org/10.1590/0074-02760200183>.

39. Prado T, Fumian TM, Mannarino CF, Resende PC, Motta FC, Eppinghaus ALF, Vale VHC do, Braz RMS, Andrade J da SR de, Maranhão AG, Miagostovich MP. Wastewater-based epidemiology as a useful tool to track SARS-CoV-2 and support public health policies at municipal level in Brazil. *Water Research*. 2021; 191. doi: <https://doi.org/10.1016/j.watres.2021.116810>.

40. Resende PC, Delatorre E, Gräf T, Mir D, Motta FC, Appolinario LR, Paixão ACD da, Mendonça AC da F, Ogrzewalska M, Caetano B, Wallau GL, Docena C, Santos MC dos, de Almeida FJ, Sousa Junior EC, Silva SP da, Fernandes SB, Vianna LA, Souza L da C, Ferro JFG, Nardy VB, Santos CA, Riediger I, Debur M do C, Croda J, Oliveira WK, Abreu A, Bello G, Siqueira MM. Evolutionary Dynamics and Dissemination Pattern of the SARS-CoV-2 Lineage B.1.1.33 During the Early Pandemic Phase in Brazil. *Frontiers in Microbiology*. 2021;11:3565. Doi: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.615280>.

Autor de Correspondência

Lincoln Agudo Oliveira Benito
SEPN 707/907, Via W 5 Norte, Campus
Universitário. CEP: 70790-075. Asa Norte.
Brasília, Distrito Federal, Brasil.
lincolnbenito@yahoo.com.br