**Variantes de atenção e/ou preocupação por sequenciamento genômico do COVID-19 no Brasil**

**Attention and/or concern variants for COVID-19 genomic sequencing in Brazil**

**Variantes de atención y / o preocupación para la secuenciación genómica de COVID-19 no Brasil**

*Linconl Agudo Oliveira Benito1, Rosana da Cruz Lima2, Margô Gomes de Oliveira Karnikowski3, Izabel Cristina Rodrigues da Silva4, Helder Lima Garcia Azevedo5*

**Como citar:** Benito LAO, Lima RC, Karnikowski MGO, Silva ICR, Azevedo, HLG. Variantes de atenção e/ou preocupação por sequenciamento genômico do COVID-19 no Brasil. REVISA. 2021;10(Esp2): 783-7. Doi: <https://doi.org/10.36239/revisa.v10.n2.p783a787>



Na cidade de *Wuhan,* província de *Hubei* na República Popular da China, foi registrado pelas autoridades locais, um evento classificado enquanto surto, que permitiu a realização do diagnosticado de pneumonia (PNM).1,2 Este importante fenômeno foi datado no mês de dezembro do ano de 2019, sendo identificada uma cepa de coronavírus desconhecida até aquele momento, e que se espalhou rapidamente, apresentando o seu elevado potencial de transmissibilidade em vinte e quatro (24) outros países.1-3

EDITORIAL

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. Centro Universitário do Distrito Federal. Brasília, Distrito Federal, Brasil.

<https://orcid.org/0000-0002-2881-1193>

3. Universidade de Brasília, Programa de Pós-Graduação em Ciências e Tecnologias em Saúde. Brasília, Distrito Federal, Brasil.

<https://orcid.org/0000-0002-5662-2058>

4. Universidade de Brasília, Programa de Pós-Graduação em Ciências e Tecnologias em Saúde. Brasília, Distrito Federal, Brasil.

<https://orcid.org/0000-0002-6836-3583>

5. Centro Universitário de Brasília. Brasília, Distrito Federal, Brasil.

<https://orcid.org/0000-0002-3377-3814>

Nesse contexto, esse fato foi notificado no dia 07 de janeiro de 2020 enquanto uma nova linhagem pertencente ao coronavírus, sendo que a mesma, não era reconhecida em seres humanos até esta data.3-5 Já no dia 30 de janeiro 2020, a Organização Mundial da Saúde (OMS), defendeu que este surto se constituiu enquanto ruidoso problema de saúde pública, se constituindo também enquanto uma verdadeira Emergência de Saúde Pública de Importância Internacional (ESPII).4-5

Em 11 de fevereiro de 2020, foi dada a designação de SARS-CoV-2, pois, ele foi responsável por causar a enfermidade que ficou conhecida enquanto COVID-19.4,5,6 No dia 26 de fevereiro de 2020, foi realizada a primeira notificação de caso confirmado no Brasil pelo Ministério da Saúde (MS) do COVID-19 e, no dia 11 de março do mesmo ano, a OMS caracterizou o COVID-19 enquanto pandemia, comunicando a todas as nações informações atualizadas sobre a complexidade e magnitude deste novo fenômeno.6,7,8

**Recebido: 22/07/2021**

**Aprovado: 19/09/2021**

Segundo o MS as classes de coronavírus mais identificadas até a presente data são o “alfa coronavírus HCoV-229E”, o “alfa coronavírus HCoV-NL63”, o “beta coronavírus HCoV-OC43”, o “beta coronavírus HCoV-HKU1”, o “SARS-CoV”, que foi identificado enquanto o causador da síndrome respiratória aguda grave (SARS), o “MERS-CoV”, que foi identificado enquanto o causador da síndrome respiratória do Oriente Médio (MERS) e ainda o SARSCoV-2.9 Em relação aos diferentes tipos de classificação das referidas variantes do COVID-19, a OMS teve a iniciativa de reuniu uma agremiação de especialistas, que instituiu as nomenclaturas a serem usadas para designação do que é entendido enquanto as “Variantes de Interesse” (VOI) e as “Variantes de Preocupação” (VOC), empregando para esta ação, letras do alfabeto grego, como por exemplo, alpha (α**)**, beta (β), delta (Δ ou δ), gamma (Γ ou γ) e ômicron (Ο ou ο).10,-11

No que se refere as VOC do SARS-CoV-2, às mesmas recebem esta designação, pois, elas possuem a possibilidade de aumento na frequência em sua virulência, das mudanças em sua apresentação clínica, aumento da transmissibilidade ou alteração prejudicial do COVID-19, ou ainda, na redução de sua eficácia nas medidas sociais e de diagnóstico, saúde pública ou das terapias acessíveis.10,11  Já as VOI possuem essa designação por conta da mesma ter causado transmissão comunitária de múltiplos casos de COVID-19, e também, do seu genoma ter sofrido mutações que mudaram o seu fenótipo viral, além de ser necessário ser detectada em várias nações.10,11

Outra importante questão que vem a caracterizar a VOI é que a mesma, pode ser classificada por meio de realização de avaliação pelo Grupo de Trabalho de Evolução do Vírus SARS-CoV-2 ou de outra forma pela OMS.10,11  No quadro 1, são apresentadas as VOC de preocupação do COVID-19 em relação as etiquetas instituídas pela OMS, linhagens, GISAID clado/linhagem, primeiras amostras documentadas e respectivas datas de designação.

**Quadro 1** – Variantes de preocupação (VOC) do COVID-19, linhagens, GISAID clado/linhagem, local de identificação das primeiras amostras documentadas e data designações:\*,\*\*,\*\*\*

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Etiqueta**  **da OMS** | **Linhagem** | **GISAID Clado/linhagem** | **Primeiras amostras documentadas** | **Data de designação** |
| **Alpha** | B.1.1.7 | GRY(antigamente GR/501Y.V1) | Reino Unido,  setembro/ 2020 | 18/12/2020 |
| **Beta** | B.1.351 | GH/501Y.V2 | África do Sul, maio/2020 | 18/12/2020 |
| **Gamma** | P.1 | GR/501Y.V3 | Brasil, novembro/2020 | 11/01/2021 |
| **Delta** | B.1.617.2 | G/452R.V3 | Índia,  outubro/2020 | VOI: 04/04/2021  VOC:11/05/2021 |

**Fonte:** Adaptado da OMS, 2021.

\* Os dados aqui apresentados sofreram a sua atualização no dia 01/12/2021.

\*\* Por conta do potencial de complexidade do COVID-19 e de suas variantes, os referidos dados sofrem atualizações diárias.

\*\*\* Os autores são fiéis as fontes consultadas.

Já na tabela 1, são apresentadas as frequências de casos confirmados e notificados das variantes, unidades federativas (UF) no Brasil, entre as semanas epidemiológicas (SE) 2 a 47, até o mês de novembro de 2021, que somaram um universo de 44.334 casos com média e desvio padrão (1.642± 2.916,3).

**Tabela 1** – Frequência de casos confirmados e notificados de variantes de atenção e/ou preocupação (VOC) por sequenciamento genômico, por UFs, no Brasil, entre as SE 2 a 47, no ano de 2021 (n=44.334):\*,\*\*,\*\*\*

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | **Total** | **VOC Gama** | **VOC Delta** | **VOC Alfa** | **VOC Beta** | **VOC Ômicron** |
| **UF** | **f (%)** | **f (%)** | **f (%)** | **f (%)** | **f (%)** | **f (%)** |
| **SP** | 14.113 (31,8) | 2.915 (12,7) | 11.138 (53,4) | 54 (12) | 3 (60) | 3 (100) |
| **RJ** | 6.403 (14,4) | 3.522 (15,3) | 2.825 (13,5) | 56 (12,4) | - | - |
| **MG** | 5.057 (11,4) | 3.019 (13,1) | 1.831 (8,8) | 207 (46) | - | - |
| **GO** | 2.889 (6,5) | 2.199 (9,6) | 652 (3,1) | 37 (8,2) | 1 (20) | - |
| **DF** | 2.147 (4,8) | 1.026 (4,5) | 1.113 (5,3) | 8 (1,8) | - | - |
| **AM** | 1.930 (4,4) | 1.687 (7,3) | 242 (1,2) | 1 (0,2) | - | - |
| **PE** | 1.683 (3,8) | 1.304 (5,7) | 376 (1,8) | 3 (0,7) | - | - |
| **CE** | 1.552 (3,5) | 1.132 (4,9) | 419 (2) | 1 (0,2) | - | - |
| **ES** | 1.131 (2,6) | 429 (1,9) | 684 (3,3) | 18 (4) | - | - |
| **SC** | 1.107 (2,5) | 715 (3,1) | 386 (1,8) | 6 (1,3) | - | - |
| **BA** | 933 (2,1) | 566 (2,5) | 326 (1,6) | 40 (8,9) | 1 (20) | - |
| **RO** | 925 (2,1) | 883 (3,8) | 42 (0,2) | - | - | - |
| **PR** | 917 (2,1) | 618 (2,7) | 288 (1,4) | 11 (2,4) | - | - |
| **RS** | 495 (1,1) | 427 (1,9) | 66 (0,3) | 2 (0,4) | - | - |
| **MS** | 480 (1,1) | 379 (1,6) | 101 (0,5) | - | - | - |
| **PB** | 385 (0,9) | 257 (1,1) | 127 (0,6) | 1 (0,2) | - | - |
| **AL** | 361(0,8) | 348 (1,5) | 12 (0,1) | 1 (0,2) | - | - |
| **SE** | 324 (0,7) | 294 (1,3) | 29 (0,1) | 1 (0,2) | - | - |
| **PA** | 308 (0,7) | 239 (1) | 69 (0,3) | - | - | - |
| **AC** | 250 (0,6) | 231(1) | 19 (0,1) | - | - | - |
| **RR** | 236 (0,5) | 234 (1) | 2 (0,0) | - | - | - |
| **MA** | 227 (0,5) | 174 (0,8) | 53 (0,3) | - | - | - |
| **TO** | 163 (0,4) | 137 (0,6) | 26 (0,1) | - | - | - |
| **RN** | 109 (0,2) | 75 (0,3) | 33 (0,2) | 1 (0,2) | - | - |
| **PI** | 103 (0,2) | 103 (0,4) | - | - | - | - |
| **MT** | 90 (0,2) | 84 (0,4) | 4 (0,0) | 2 (0,4) | - | - |
| **AP** | 16 (0,0) | 11 (0,0) | 5 (0,0) | - | - | - |
| **Total** | **44.334 (100)** | **23.008 (100)** | **20.868 (100)** | **450 (100)** | **5 (100)** | **3 (100)** |

**Fonte:** Adaptado das Secretarias de Estado de Saúde (SES) e do MS, 2021.

\* Os dados aqui apresentados sofreram a sua última atualização no dia 01/12/2021.

\*\* Por conta do potencial de complexidade do COVID-19 e de suas variantes, os referidos dados sofrem atualizações diárias.

\*\*\* Os autores são fiéis as fontes consultadas.

Entre as SE 2 a 47 do ano de 2021, foi verificado que a VOC Gama registrou a maior preponderância com 51,9% (n=23.008), seguido pela VOC Delta com 47,1% (n= 20.868), VOC Alfa com 1% (n= 450), VOC Beta com 5% (n=0,01) e a VOC Ômicron 0,01% (n=03).12 O estado de São Paulo (SP) registrou a maior preponderância dentre as UFs analisados, somando 31,8% (n=14.113) e o Amapá (AP) a menor com 0,04% (n=16).12

O que chama atenção na presente tabela, é a presença de três (03) casos da VOC Ômicron identificadas no estado de SP no mês de novembro do ano de 2021.

Segundo a OMS, a primeira infecção VOC Ômicron (B.1.1.529) conhecida, foi de uma amostra coletada no dia 9 de novembro de 2021, sendo que ela foi reportada pela primeira vez à OMS da África do Sul no dia 24 de novembro de 2021.13-15

Desta forma e, segundo alguns pesquisadores, a VOC Ômicron (B.1.1.529) compreende um elevado quantitativo de mutações desenvolvidas, sendo que algumas das quais, possivelmente são classificadas enquanto preocupantes.13-15 A complexidade e a magnitude da VOC Ômicron (B.1.1.529) é tamanha que, evidências preliminares sugerem a presença de um risco ampliado de reinfecção das pessoas acometidas pela mesma, quando comparada com outros tipos de VOCs do COVID-19.13-15

## Agradecimento

Essa pesquisa não recebeu financiamento para sua realização.

**Referências**

1. 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(9). doi: <http://dx.doi.org/10.1038/s41368-020-0075-9>.

2. Callaway E, Cyranoski D. Why snakes probably aren’t spreading the new China virus. Nature. 2020. doi: <http://doi.org/10.1038/d41586-020-00180-8>.

3. Organização Pan-Americana da Saúde. Folha informativa sobre COVID-19. Histórico da pandemia de COVID-19. Disponível em: [[https://www.paho.org/ pt/covid19/historico-da-pandemia-covid-19](https://www.paho.org/%20pt/covid19/historico-da-pandemia-covid-19)]. Acesso em: 01 nov 21.

4. Bonavia A, Zelus BD, Wentworth DE, Talbot PJ, Holmes KV. Identification of a Receptor-Binding Domain of the Spike Glycoprotein of Human Coronavirus HCoV-229E. Journal of Virology. 2003; 77(4); 2530-2538. doi: https://doi.org /10.1128/JVI.77.4.2530-2538.2003.

5. Lipsitch M, Finelli L, Heffernan RT, Leung GM, Redd SC. Improving the Evidence Base for Decision Making During a Pandemic: The Example of 2009 Influenza A/H1N1. Biosecurity and Bioterrorism: Biodefense Strategy, Practice, and Science. 2011:9(2);89-115. doi: <http://doi.org/10.1089/bsp.2011.0007>.

6.Siston AM, Rasmussen SA, Honein MA, et al. Pandemic 2009 Influenza A(H1N1) Virus Illness Among Pregnant Women in the United States. JAMA. 2010;303(15):1517–1525. doi: <http://doi.org/10.1001/jama.2010.479>.

7.Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Boletim Epidemiológico Especial. Doença pelo Novo Coronavírus – COVID-19. Epidemiológica 40: 24/10 a 30/10/2021. Número 87. Brasília: MS, 2021. 109p. Disponível em: [<https://www.gov.br/saude/pt-br/media/pdf/2021/novembro/06/boletim_epidemiologico_covid_87_5nov21-seg2.pdf> ]. Acesso em: 09 nov 21.

8. Ciotti M, Ciccozzi M, Terrinoni A, Jiang W-C, Wang C-B, Bernardini S. The COVID-19 pandemic. Critical Reviews in Clinical Laboratory Sciences. 2020;57(6):365-388. doi: <http://doi.org/10.1080/10408363.2020.1783198>

9.Brasil. Ministério da Saúde. Coronavírus: o que você precisa saber e como prevenir o contágio. Disponível em: [https://coronavirus.saude.gov.br/]. Acesso em: 20 jun 2020.

10.Organização Pan-Americana da Saúde. OMS anuncia nomenclaturas simples e fáceis de pronunciar para variantes de interesse e de preocupação do SARS-CoV-2. Nomenclaturas de variantes do SARS-CoV-2 (atualização em 31 de maio). Disponível em: [ <https://www.paho.org/pt/noticias/1-6-2021-oms-anuncia-nomenclaturas-simples-e-faceis-pronunciar-para-variantes-interesse-e> ]. Acesso em: 11 nov 21.

11. World Health Organization. Home. Activities. Tracking SARS-CoV-2 variants. Available in: [ <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> ]. Access on: 11 nov 21.

# 12. Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Boletim Epidemiológico Especial. Doença pelo Novo Coronavírus – COVID-19. Semana Epidemiológica 47 (21/11 a 27/11/2021). Número 91. Brasília: MS, 108p. disponível em: [<https://www.gov.br/saude/pt-br/media/pdf/2021/dezembro/3/boletim_epidemiologico_covid_91_2dez21> .pdf ]. Acesso em: 06 dez 21.

13. World Health Organization. Home. News. Classification of Omicron (B.1.1.529): SARS-CoV-2 Variant of Concern. Available in: [[https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1. 529)-sars-cov-2-variant-of-concern](https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.%20529)-sars-cov-2-variant-of-concern)]. Access in: 06 dez 21.

14. Torjesen I. Covid-19: Omicron may be more transmissible than other variants and partly resistant to existing vaccines, scientists fear BMJ.2021;375:n2943 doi:10.1136/bmj.n2943**.**

15. Tanne JH. Covid 19: Omicron is a cause for concern, not panic, says US president BMJ.2021;375:n2956 doi:10.1136/bmj.n2956.

**Autor de Correspondência**

Linconl Agudo Oliveira Benito

Universidade Paulista, Departamento de Enfermagem.

Quadra 913, Bloco B - Asa Sul. CEP: 70390-130. Brasília, Distrito Federal, Brasil.

[linconlbenito@yahoo.com.br](mailto:linconlbenito@yahoo.com.br)