

NOVAS VARIANTES DO SARS-CoV-2 – ATUALIZAÇÃO

*Airton dos Santos Filho (MD), Péricles Dourado (BM, Msc),
Luciana Vieira (Ft, Msc, PhD), Alessandra Lima (CD, Msc, PhD)*
15 de fevereiro de 2021

Desde o início da pandemia causada pelo novo coronavírus (SARS-CoV-2) já era de se esperar o surgimento de novas linhagens virais resultantes de mutações ao longo do tempo. De acordo com o Centro de Controle e Prevenção de Doenças – CDC, algumas variantes do vírus emergem e desaparecem, enquanto outras emergem e persistem (CDC, 2021a).

Mutações nos genomas virais são comuns e, na maioria das vezes, não afetam a capacidade dos vírus se espalharem ou causarem doenças porque não alteram as principais proteínas envolvidas na infecção; porém, em alguns casos, estes são superados por variantes que são mais benéficas para o vírus e a vigilância destas variantes é importante para verificar se elas apresentam maior capacidade de disseminação, se provocam quadros mais graves da doença, se não interferem nos testes de diagnóstico, se possuem menor suscetibilidade aos tratamentos e se conseguem driblar a imunidade natural do hospedeiro ou aquela induzida por vacina (CDC, 2021b).

Quando as mutações ocasionam alterações clínico-epidemiológicas relevantes, como maior gravidade e maior potencial de infectividade, essa variante é classificada como VOC, em inglês, **variant of concern**, em português traduzido para **variante de atenção** (BRASIL, 2021). Até o momento, existem três (03) principais variantes de atenção (figuras 1 a 4). O anexo 1 apresenta, de forma resumida, as principais informações sobre cada uma delas.

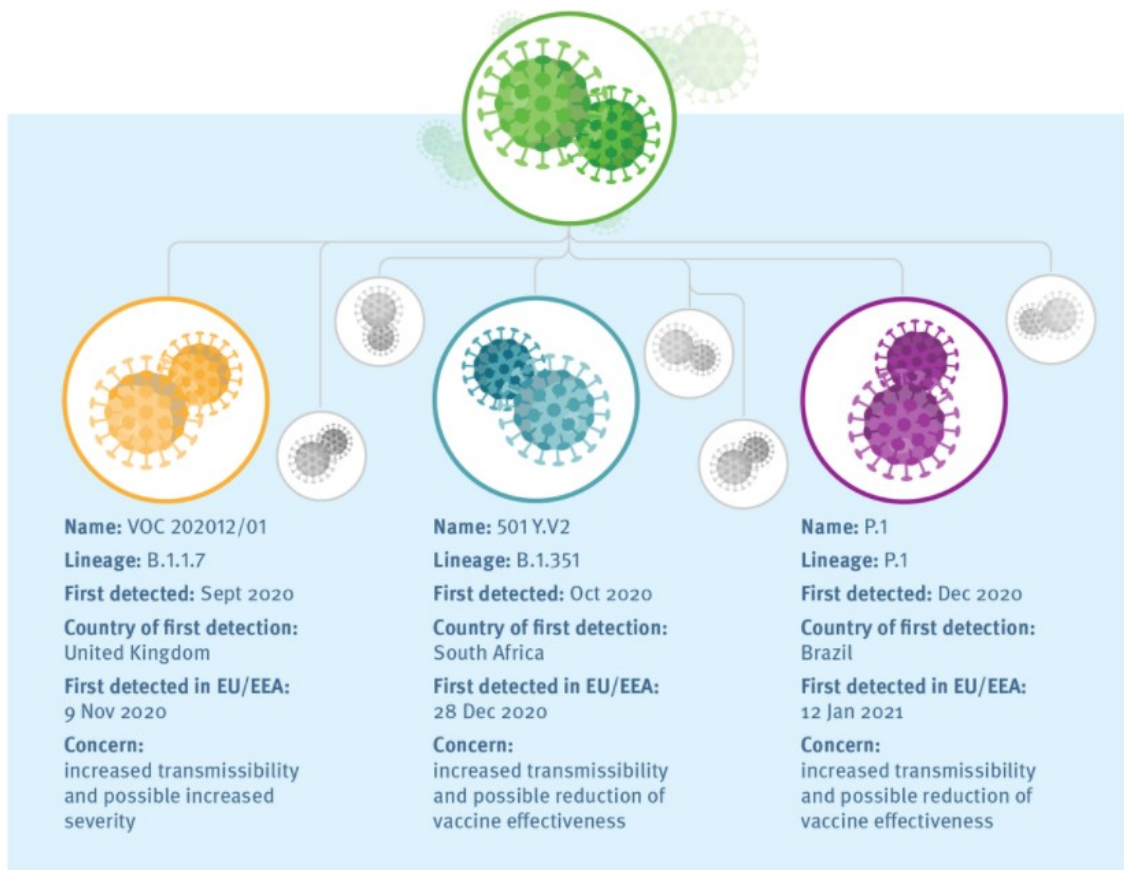


Figura 1 – Mutação do SARS-CoV-2: atuais variantes de atenção em 08 de fevereiro de 2021.
Fonte: ECDC, 2021

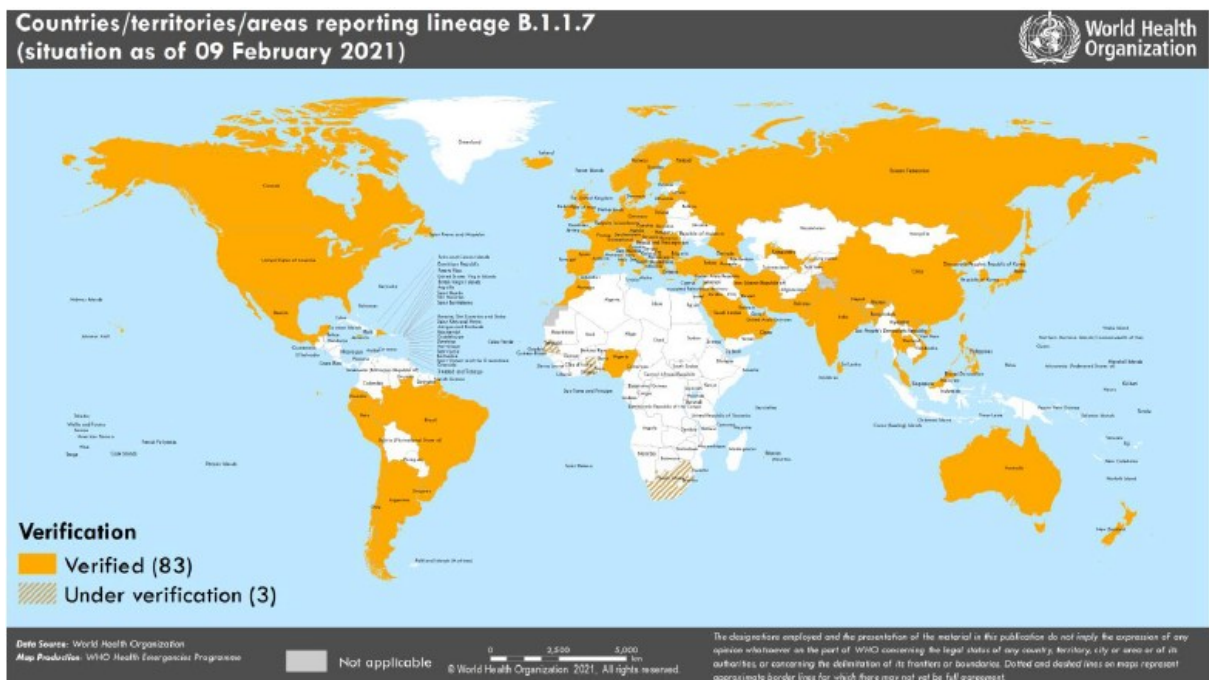


Figura 2 – Países, territórios e áreas que notificaram a variante SARS-CoV-2 **VOC 202012/01** em **09 de fevereiro de 2021**. Fonte: WHO, 2021.

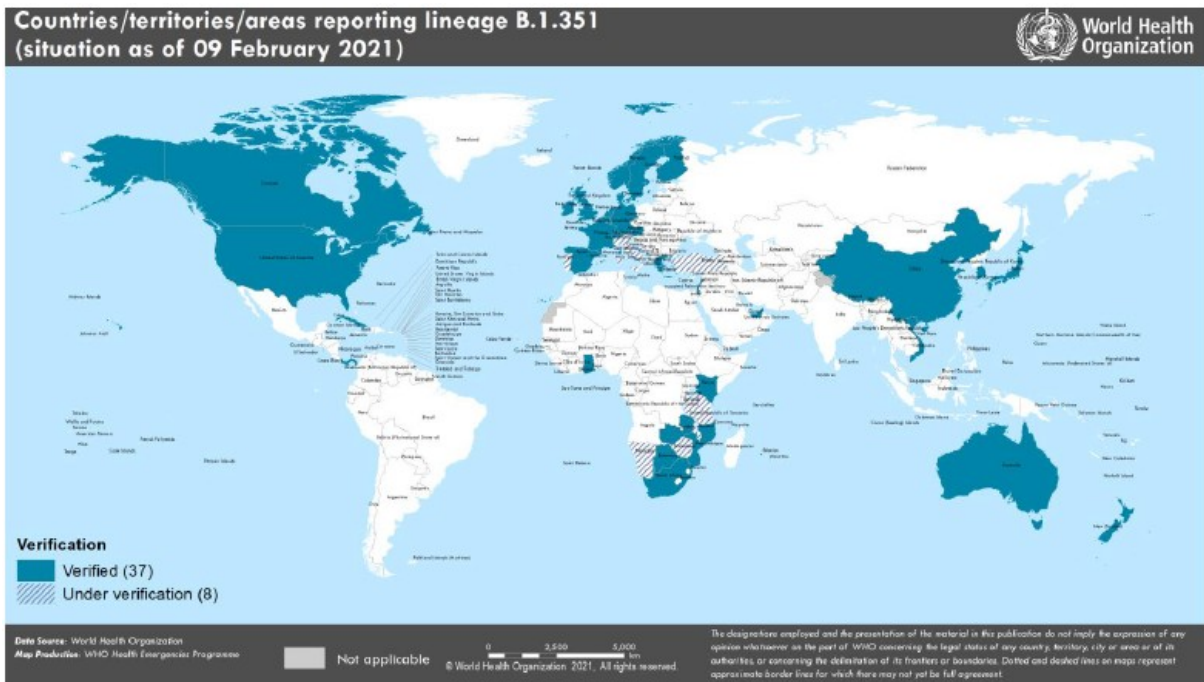


Figura 3 – Países, territórios e áreas que notificaram a variante SARS-CoV-2 **501Y.V2** em **09 de fevereiro de 2021**. Fonte: WHO, 2021.

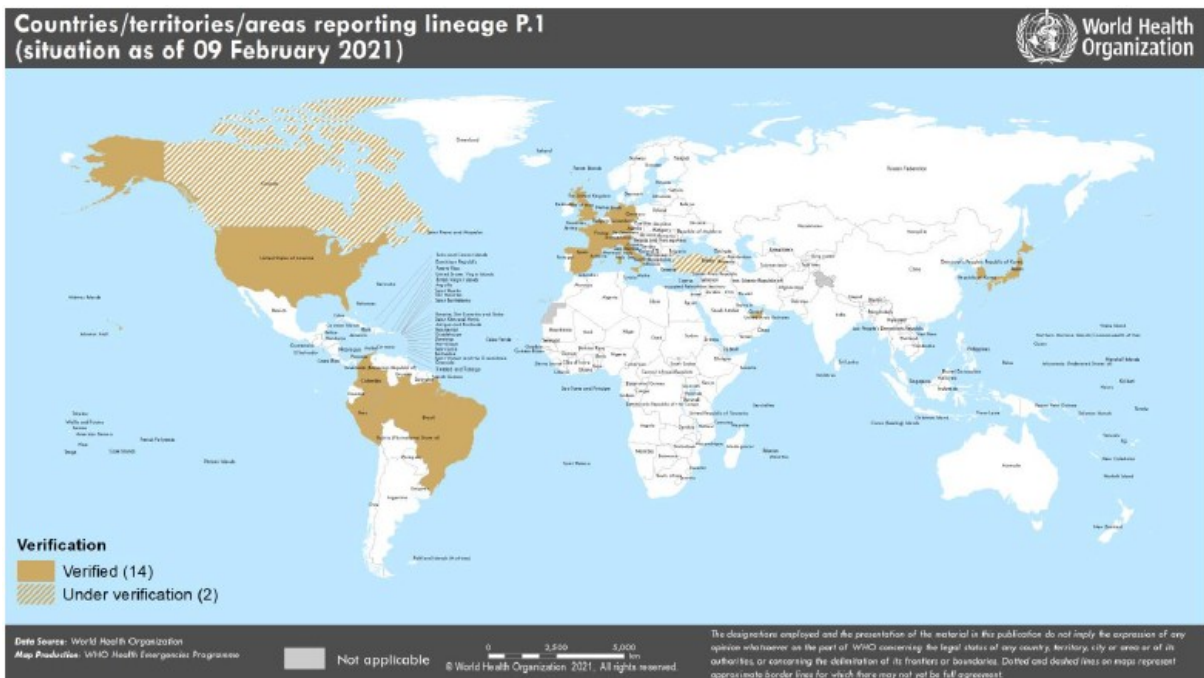


Figura 4 – Países, territórios e áreas que notificaram a variante SARS-CoV-2 **P.1** em **09 de fevereiro de 2021**. Fonte: WHO, 2021.

O site da Rede Genômica Fiocruz, atualizado em 09 de fevereiro de 2021, informa que há duas principais linhagens circulando pelo Brasil desde fevereiro de 2020 (figura 5): 30% B.1.1.33

(1.085) e 29% B.1.1.28 (1.046), ambas sem alterações significativas na proteína Spike (BRASIL, 2021).

Figura 5 – Principais linhagens do SARS-CoV-2 encontradas no Brasil. Fonte: FIOCRUZ, 2021.

A **variante P.1**, também denominada B.1.1.28.1, pertence à linhagem B.1.1.28, cujas alterações na proteína Spike são semelhantes às encontradas nas cepas do Reino Unido e África do Sul, foi inicialmente identificada em um grupo de pessoas que retornaram ao Japão após viagem ao estado do Amazonas (BRASIL, 2021). Em Manaus, a proporção de casos com P.1 dentre as amostras sequenciadas aumentou de 52%, em dezembro de 2020, para 85% em janeiro de 2021 (WHO, 2021). Dados preliminares sugerem que as mutações da P.1 poderiam reduzir a neutralização pelos anticorpos; contudo, são necessários mais estudos para averiguar se há mudanças na transmissibilidade, gravidade e na resposta imune em decorrência desta nova variante (WHO, 2021).

Conjuntamente, se encontra em circulação no país a **variante P.2**, também denominada B.1.1.28.2, que assim como a variante P.1 também possui a mutação E484K (quadro 1), identificada pela primeira vez em outubro de 2020. De acordo com dados extraídos do site SARS-CoV-2 lineages (figura 6 e quadro 2), o Brasil é o país com a maior ocorrência (63%) desta linhagem do SARS-CoV-2 dentre as 16 nações em que ela foi identificada até o momento. Desde a sua primeira descrição em outubro, tem-se observado uma rápida expansão da mesma no país (figuras 7 e 8), conforme dados da Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ, 2021). Apesar do aumento da frequência da nova variante viral, ainda não se sabe o impacto epidemiológico deste fenômeno, seja na gravidade dos casos ou na possível diminuição da eficácia das vacinas utilizadas até o momento (FREITAS et al, 2021).

Em novembro de 2020, a variante P.2 já era a mais prevalente entre as linhagens sequenciadas de pacientes que desenvolveram sintomas no estado do Rio de Janeiro (VOLOCH et al, 2020). De acordo com os dados atualizados em 09 de fevereiro de 2021 pela Rede genômica FIOCRUZ (figura 7), a partir do aumento dos isolamentos das **variantes P.1 e P.2** em outubro de 2020 até a presente data, em apenas 4 meses, estas passaram a corresponder juntas por, aproximadamente, 75% de todas as linhagens sequenciadas no Brasil neste período e, na cidade de Manaus, estas duas cepas corresponderam a 97,8% das amostras de vírus sequenciadas em janeiro de 2021 (FREITAS et al, 2021).

Estudos preliminares sugerem que os casos de reinfecção pelas linhagens emergentes derivadas da B.1.1.28 (P.1 e P.2), podem refletir a capacidade dos vírus de escaparem dos anticorpos neutralizantes induzidos durante a primo-infecção por variantes que predominaram durante a “primeira onda” da pandemia no Brasil (NAVECA et al, 2021).

Linhas	Local de infecção da primeira descrição	Data da descrição	Mutações				Características clínico-epidemiológicas		
			N501Y	E484K	K417N	K417T	Rápida expansão	Aumento na gravidade	Escape viral
B.1.1.7	Reino Unido	nov/20	Sim				Sim	Sim	Pouco
B.1.351	África do sul	dez/20	Sim	Sim	Sim		Sim	não estudado	Sim
P.1	Manaus	jan/21	Sim	Sim		Sim	Sim	não estudado	Provável (ainda não estudado)
P.2	Rio de Janeiro	dez/20		Sim			Sim	não estudado	Provável (ainda não estudado)

Quadro 1 – Síntese das novas linhagens emergentes e suas características. Fonte: FREITAS et al, 2021.



Figura 6 – Distribuição mundial da variante P.2 do vírus SARS-CoV-2. Fonte: SARS-CoV-2 lineages Acesso em 11/02/2021

Lineage	Most common countries	Earliest date	Count	Travel History	Description
P.2	Brazil 63.0%, USA 14.0%, UK 6.0%, Canada 4.0%, Denmark 3.0%	2020-04-15	296		Alias of B.1.1.28.2, Brazilian lineage

Quadro 2 – Distribuição mundial da variante P.2 do vírus SARS-CoV-2. Fonte: SARS-CoV-2 lineages_Acesso em 11/02/2021

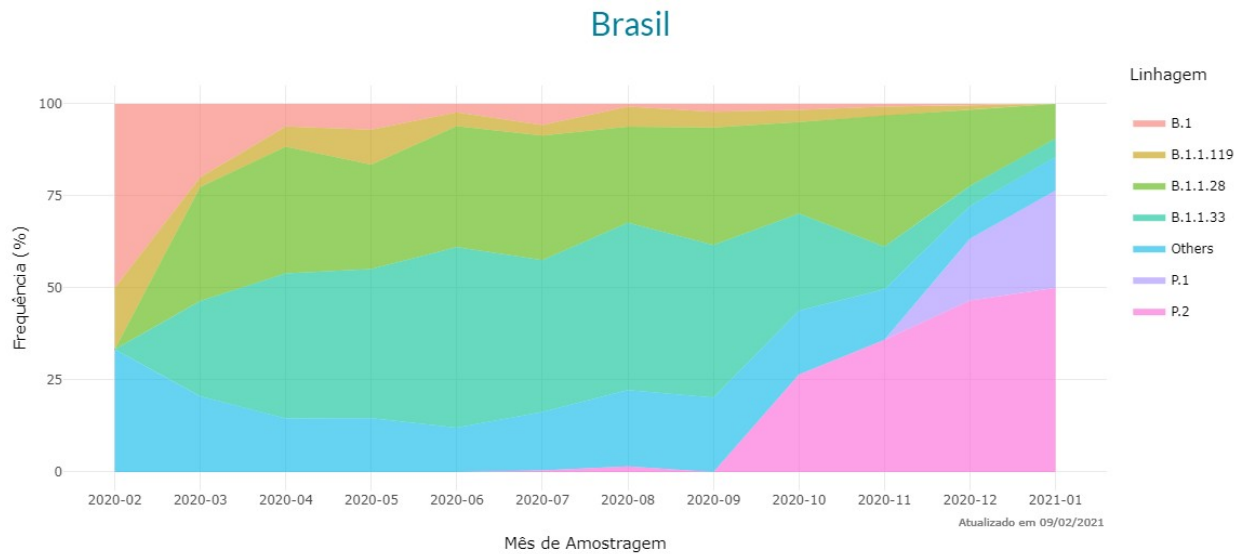


Figura 7 – Frequência das principais linhagens do SARS-CoV-2 no Brasil por mês de amostragem. Fonte: FIOCRUZ, 2021.

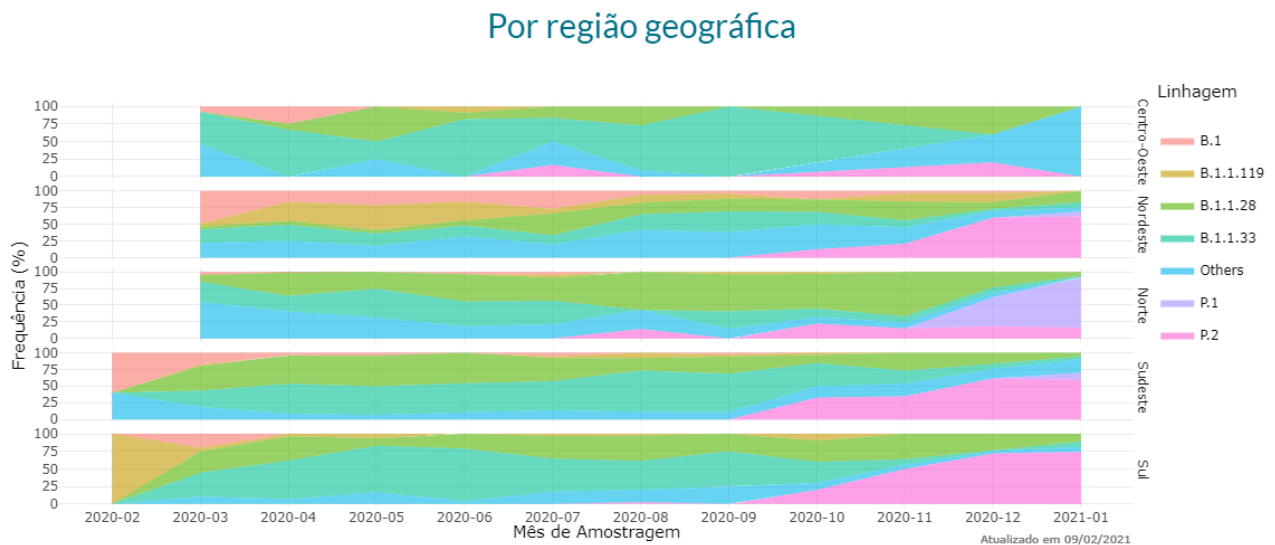


Figura 8 – Frequência das principais linhagens do SARS-CoV-2, por região geográfica, por mês de amostragem. Fonte: FIOCRUZ, 2021.

Em **Goiás** a variante P.2 foi detectada pela primeira vez em janeiro, no município de Ceres e trata-se do primeiro caso confirmado de reinfeção no estado (OPOPULAR, 2021) e, em 12 de fevereiro de 2021, a Secretaria de Estado da Saúde de Goiás publicou Nota de Esclarecimento confirmando a identificação dos dois pacientes contaminados pela variante do Reino Unido do coronavírus em território goiano, sendo um homem de Valparaíso de Goiás e uma mulher residente em Luziânia (GOIÁS, 2021). As figuras 9 a 13 demonstram a presença das diferentes linhagens do SARS-CoV-2 identificadas com maior frequência nos estados brasileiros de acordo com a atualização de 09 de fevereiro de 2021 publicada pela Rede Genômica Fiocruz.

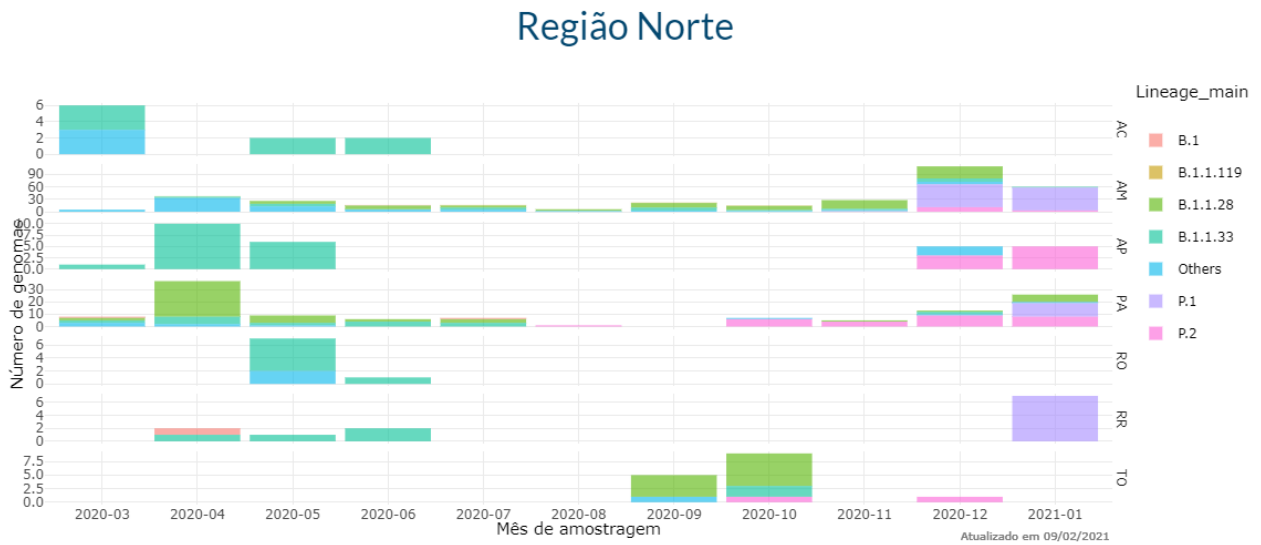


Figura 9 – Presença das linhagens do SARS-CoV-2 por estado – **região Norte**. Fonte: FIOCRUZ, 2021

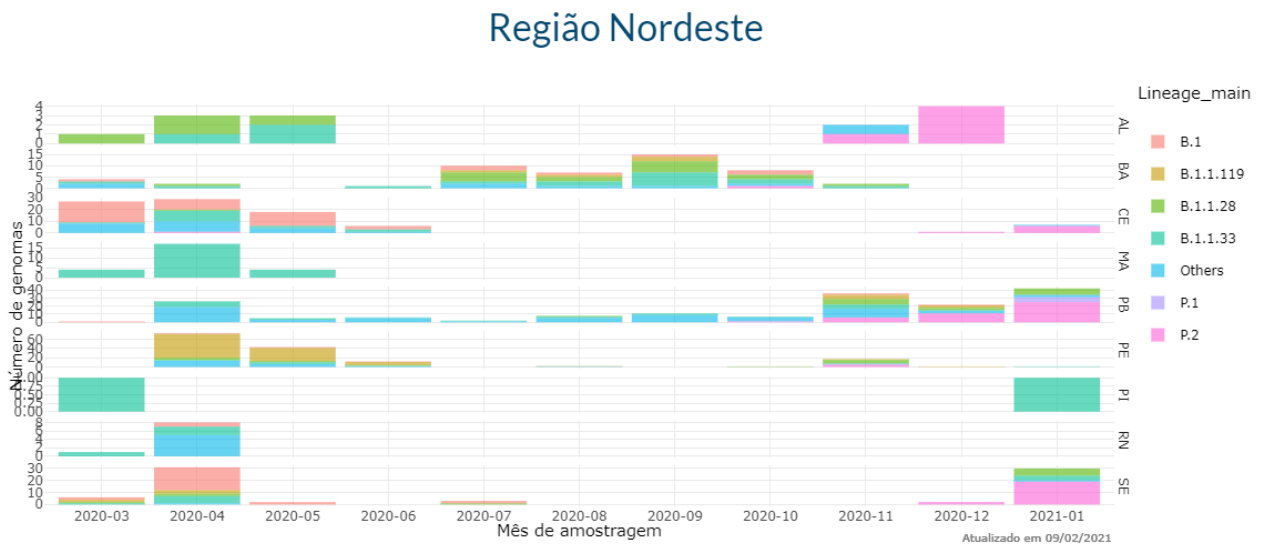


Figura 10 – Presença das linhagens do SARS-CoV-2 por estado – **região Nordeste**. Fonte: FIOCRUZ, 2021

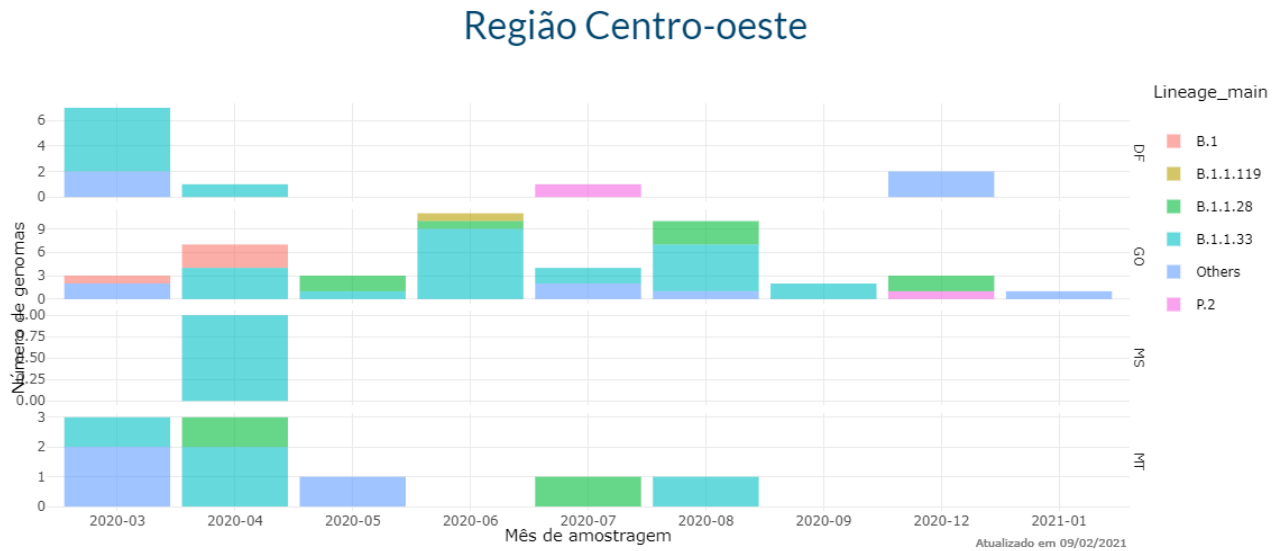


Figura 11 – Presença das linhagens do SARS-CoV-2 por estado – **região Centro-Oeste**. Fonte: FIOCRUZ, 2021

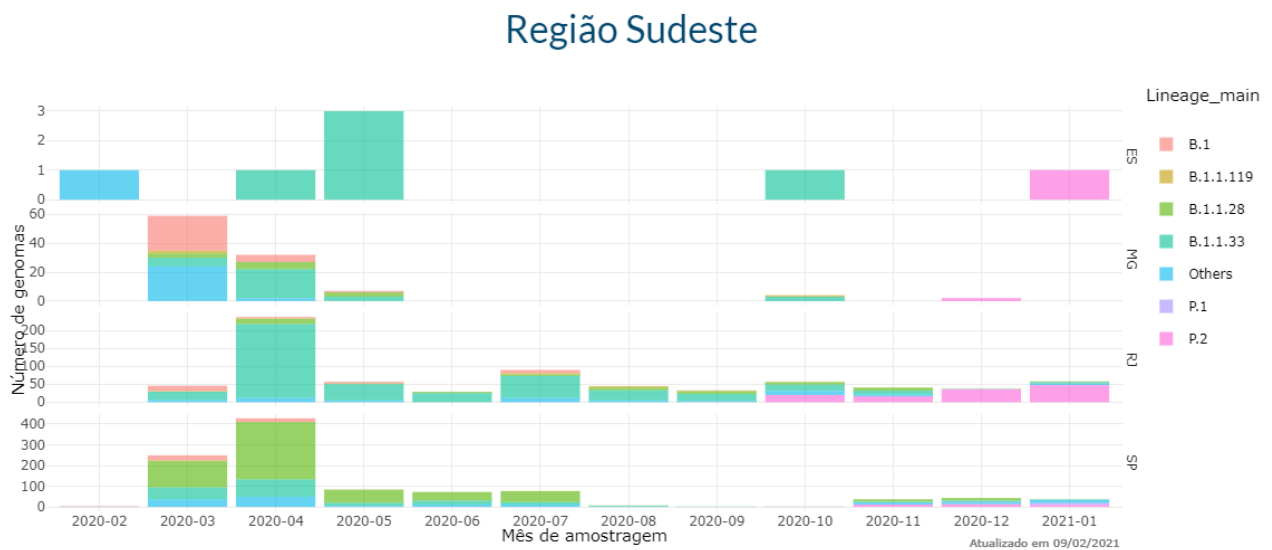


Figura 12 – Presença das linhagens do SARS-CoV-2 por estado – **região Sudeste**. Fonte: FIOCRUZ, 2021

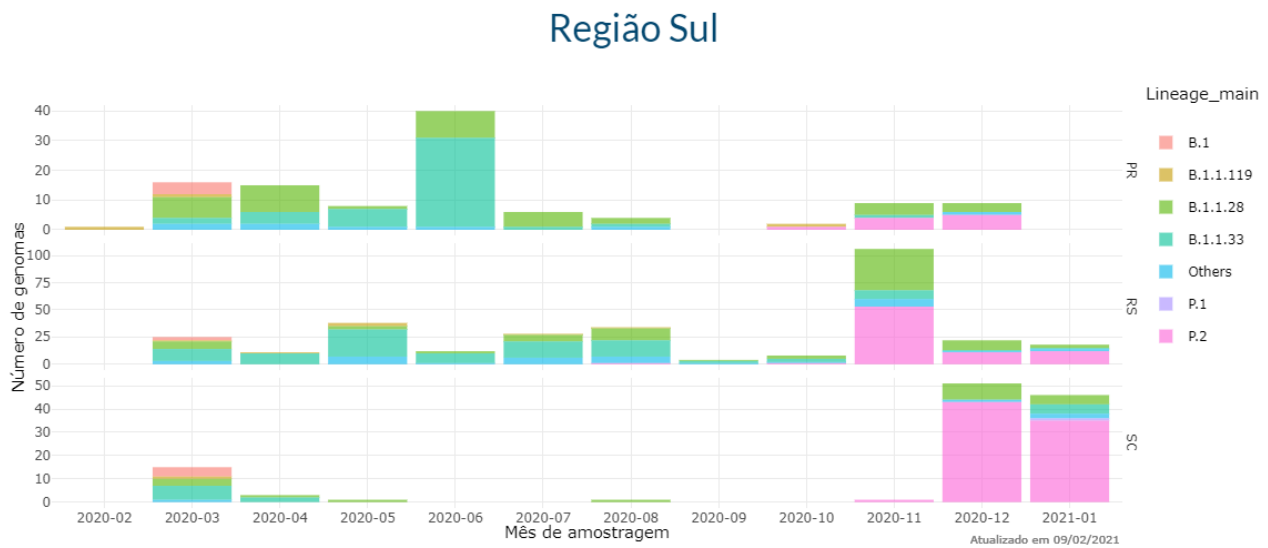


Figura 13 – Presença das linhagens do SARS-CoV-2 por estado – **região Sul**. Fonte: FIOCRUZ, 2021

REFERÊNCIAS

BRASIL. MINISTÉRIO DA SAÚDE. Nota técnica N° 59/2021 - CGPNI/DEIDT/SVS/MS. Acesso em 11/02/2021.

CDC – CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION. New variants of the virus that causes COVID-19. 2021a. Acesso em 11/02/2021.

CDC – CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION. Genomic Surveillance for SARS-CoV-2 Variants. 2021b. Acesso em 11/02/2021.

ECDC – EUROPEAN CENTRE FOR DISEASE PREVENTION AND CONTROL. Infographic: Mutation of SARS-CoV-2 – current variants of concern. Fev, 2021. Acesso em 11/02/2021.

FIOCRUZ – FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ. Rede Genômica Fiocruz. 2021. Acesso em 11/02/2021.

FIOCRUZ/GISAID – FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ e GISAID INITIATIVE. Filodinâmica do SARS-CoV-2 no Brasil – GISAID: linhas do SARS-CoV-2 em circulação. 2021. Acesso em 11/02/2021.

FREITAS, A.R.R. et al. Variantes emergentes do SARS-CoV-2 e suas implicações na saúde coletiva. InterAmerican Journal of Medicine and Health, 2021. Acesso em 11/02/2021.

GOIÁS. Secretaria de Estado da Saúde. Nota de Esclarecimento – Confirmação da variante do Reino Unido em Goiás. 2021. Acesso em 14/02/2021.

NAVECA, F. et al. SARS-CoV-2 reinfection by the new variant of concern (VOC) P.1 in Amazonas, Brazil. Virological.org. 2021. Acesso em 11/02/2021.

OPOPULAR. Nova variante do coronavírus é detectada em Goiás. OPOPULAR, 2021. Acesso em 09/02/2021.

SARS-CoV-2 LINEAGES. Lineage P.2. 2021. Acesso em 11/02/2021.

VOLOCH, C.M. et al. Genomic characterization of a novel SARS-CoV-2 lineage from Rio de Janeiro, Brazil. MedRxiv, 2020. Acesso em 11/02/2020.

WHO – WORLD HEALTH ORGANIZATION. Weekly epidemiological update – 9 February 2021. 2021. Acesso em 11/02/2021.

Anexo 01 – Resumo das informações sobre as principais variantes de atenção em 08 de fevereiro de 2021. Fonte: WHO, 2021.

País	Reino Unido	África do Sul	Brasil / Japão
Variante; Linhagem	VOC 202012/01; B.1.1.7	501Y.V2; B.1.351	P.1; B.1.1.28
Primeira identificação	20 de setembro de 2020	Início de agosto de 2020	Dezembro de 2020
Transmissibilidade	Aumentada	Aumentada	Provavelmente aumentada
Gravidade	Evidência mista, potencial aumento da mortalidade com base em observações epidemiológicas	Nenhum impacto relatado até o momento, nenhuma mudança significativa na mortalidade hospitalar	Sob investigação, nenhum impacto relatado até o momento.
Capacidade de neutralização	Leve redução, mas os títulos neutralizantes gerais ainda permaneceram acima dos níveis esperados para conferir proteção	Diminuiu, sugerindo risco potencial aumentado de reinfecção	Diminuição potencial, pequeno número de reinfecções relatadas
Potencial impacto nas vacinas	Nenhum impacto significativo nas vacinas Moderna, Pfizer-BioNTech e Oxford-AstraZeneca	Moderna e Pfizer-BioNTech: redução da atividade neutralizante, mas desconhecido impacto na proteção contra doença. Novavax e Novavax e Johnson & Johnson: Menor eficácia da vacina na África do Sul em comparação com cenários sem a variante (apenas dados de comunicado à imprensa). Doença moderada a grave foi avaliada. Resultados de neutralização sorológica, pendentes. Oxford / AstraZeneca: Eficácia mínima da vacina contra a doença COVID-19 leve a moderada, com amplos intervalos de confiança (dados de comunicado à imprensa apenas), impacto indeterminado na doença grave. A neutralização sorológica foi substancialmente reduzida em comparação com as cepas originais, com base no pequeno número de amostras analisadas.	Redução potencial, sob investigação
Potencial impacto nos testes de diagnóstico	Falha no alvo do gene S. Nenhum impacto sobre os testes rápidos de detecção de antígeno (Ag RDTs) observados	Nenhum relatado até o momento	Nenhum relatado até o momento