

NOVAS VARIANTES DO SARS-CoV-2

Péricles Dourado (BM, Msc),
Luciana Vieira (Ft, Msc, PhD), **Alessandra Lima** (CD, Msc, PhD)
18 de janeiro de 2021

A pandemia desencadeada pela disseminação do novo coronavírus tornou-se uma grande e constante preocupação para a população, governos e serviços de saúde do mundo inteiro. Devido aos inúmeros impactos que atingiram diferentes setores da sociedade, todos os temas referentes ao SARS-CoV-2 atraem muita atenção e, recentemente, o assunto que trata das novas variantes deste agente etiológico tornou-se bastante frequente em diferentes veículos de comunicação.

Os vírus são organismos que constantemente sofrem mudanças por meio de mutações e, portanto, o surgimento de novas variantes é um evento esperado. A maior parte das mutações não têm impacto sobre o vírus, enquanto algumas podem ser prejudiciais a ele e poucas podem resultar em uma vantagem para o vírus (WHO, 2021a). Ciente disso, a Organização Mundial da Saúde (OMS), avalia rotineiramente se as variantes do SARS-CoV-2 resultam em mudanças na transmissibilidade, manifestações clínicas, gravidade dos casos, ou se geram impactos nas medidas de contenção do agente etiológico, incluindo diagnósticos, tratamentos e vacinas (WHO, 2020).

Entre janeiro e fevereiro de 2020, surgiu uma variante do vírus que apresentava maior infectividade e transmissibilidade do que a cepa original identificada na China e, em meados de junho de 2020, tornou-se a forma dominante do vírus circulante mundialmente. Contudo, esta nova variante não provocou quadros mais graves da doença, nem alterou a efetividade dos testes laboratoriais, tratamentos, vacinas ou medidas preventivas de saúde pública já existentes. Em agosto e setembro de 2020, uma variante do SARS-CoV-2 relacionada a infecções entre criações de visons (pequeno mamífero semelhante à doninha) e subsequentemente transmitida para humanos foi identificada na Dinamarca e gerou certa preocupação, pois constatou-se que esta cepa reduziu a extensão e a duração da proteção imune após infecção ou vacinação. Estudos envolvendo esta variante estão em andamento e as autoridades dinamarquesas identificaram apenas 12 casos desta cepa que, aparentemente, não se disseminou amplamente (WHO, 2020).

Em 14 de dezembro de 2020, autoridades do Reino Unido informaram à OMS a respeito de uma variante denominada SARS-CoV-2 VOC 202012/01 (Variante de Preocupação, ano 2020, mês 12, variante 01)

(WHO, 2020). Dados preliminares sugerem que esta variante apresenta maior transmissibilidade, contudo, não alterou a gravidade da doença, a ocorrência de reinfeção entre casos variantes e nem a distribuição de casos por idade e sexo, em comparação com outros vírus SARS-CoV-2 circulando no Reino Unido (WHO, 2021a & 2021b).

Desde a sua primeira detecção, VOC 202012/01 foi identificado em 50 países, territórios e áreas através de cinco das seis regiões da OMS até o momento (figura 1) e, na Inglaterra, a variante foi detectada em todas as regiões (WHO, 2021a).

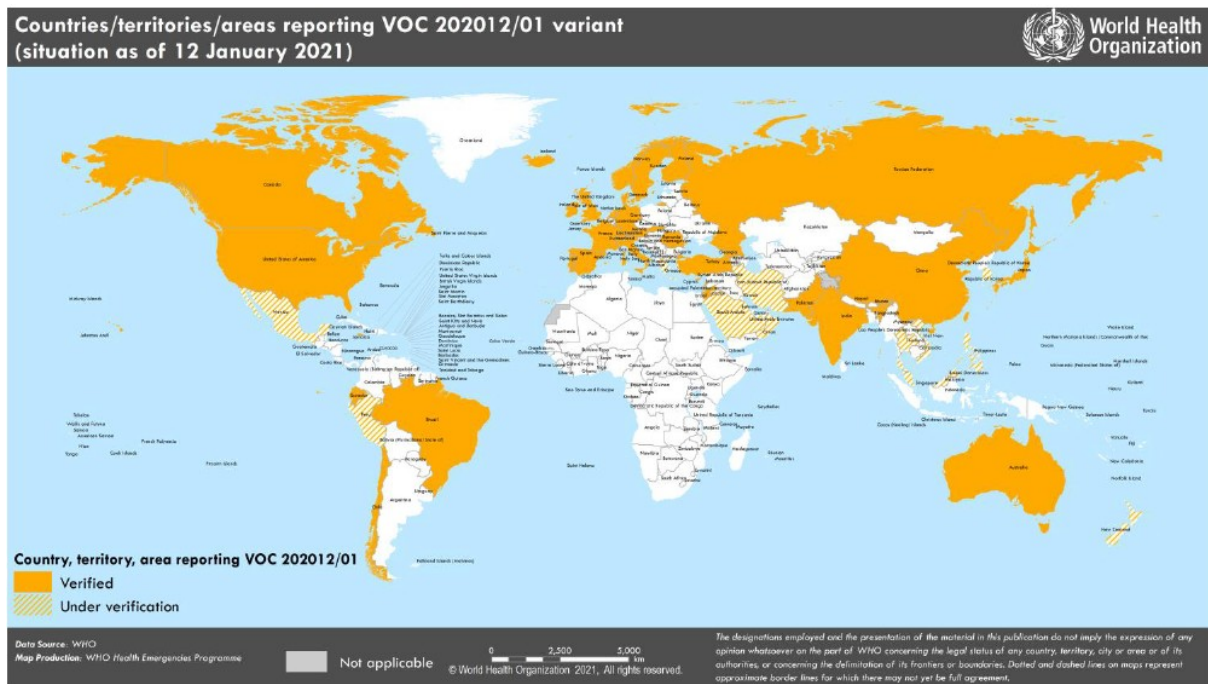


Figura 1 – Países, territórios e áreas que notificaram a variante SARS-CoV-2 202012/01 em 12 de janeiro de 2021. Fonte: WHO, 2021a.

Em 18 de dezembro de 2020, autoridades da África do Sul anunciaram a detecção de uma nova variante do SARS-CoV-2 denominada 501Y.V2, a qual está se disseminando rapidamente e tomando o lugar de outros vírus SARS-CoV-2 circulantes no país (WHO, 2020). Desde então, essa linhagem já foi detectada em 20 países, territórios e áreas através de quatro das seis regiões da OMS (figura 2). Apesar desta nova variante, aparentemente, não causar um maior número de casos graves, o rápido aumento do número de novos casos colocou os sistemas de saúde sob pressão (WHO, 2021a).

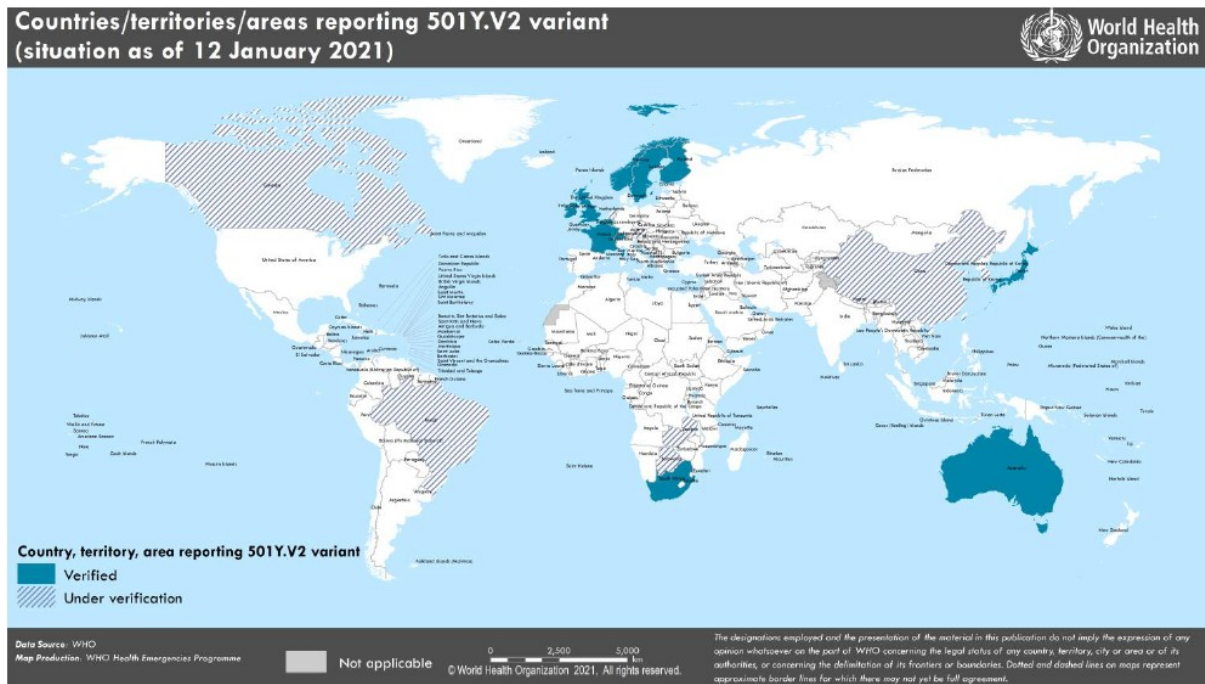


Figura 2 – Países, territórios e áreas que notificaram a variante SARS-CoV-2 501Y.V2 em 12 de janeiro de 2021. Fonte: WHO, 2021a.

As distribuições geográficas das linhagens VOC 202012/01 e 501Y.V2, evidenciadas nas figuras 01 e 02, provavelmente estão subestimadas pois muitos sistemas de vigilância não foram adaptados para detectar essas novas variantes e vários locais possuem uma capacidade limitada para realizar sequenciamento de amostras (WHO, 2021a).

Relatos recentes, acerca de outras duas novas variantes do SARS-CoV-2, uma isolada no Reino Unido e outra na África do Sul, chamaram a atenção das autoridades e trouxe preocupações sobre o impacto das mutações virais (WHO, 2021b); as novas variantes do Sars-CoV-2 abrigam um número maior de mutações na proteína chamada *Spike* (SEIXAS, 2021).

Em 9 de janeiro de 2021, o Japão informou à OMS a respeito de uma nova variante do SARS-CoV-2 dentro da linhagem B.1.1.28, detectada em quatro viajantes chegando do Brasil. Esta variante tem 12 mutações na proteína spike que podem impactar na transmissibilidade e na resposta imune do hospedeiro. Pesquisadores no Brasil também relataram o surgimento de uma variante semelhante que provavelmente evoluiu independentemente da variante detectada entre os viajantes japoneses. A extensão e a importância dessas novas variantes para a saúde pública requerem mais investigações (WHO, 2021a).

No Brasil, a epidemia de Sars-Cov-2 ocorreu a partir de duas linhagens, denominadas B.1.1.28 e B.1.1.33, que, provavelmente, surgiram no país em fevereiro de 2020 (SEIXAS, 2021). A Rede Genômica da FioCruz (BRASIL, 2021a), publicou nota técnica relatando uma análise genômica preliminar da linhagem SARS-CoV-2 B.1.1.28 que circula na região amazônica brasileira e sua relação evolutiva

com outras variantes emergentes do SARS-CoV-2, no Brasil, que abrigam mutações no domínio de ligação com receptor da proteína Spike (S). O fenômeno é recente, ocorrendo entre dezembro de 2020 e janeiro de 2021. A análise confirma que:

[...] “o novo clado putativo B.1.1.28 (K417N / E484K / N501Y) detectado em viajantes japoneses não evoluiu do clado B.1.1.28 (E484K) detectado recentemente no Rio de Janeiro e em outros estados brasileiros, mas ambas as variantes surgiram independentemente durante a evolução da linhagem B.1.1.28” (BRASIL, 2021a).

O surgimento simultâneo de diferentes linhagens B.1.1 virais com mutações no domínio de ligação do receptor da proteína Spike, em diferentes países no decorrer do segundo semestre de 2020 sugere que as mudanças seletivas na evolução de SARS-CoV-2 sejam convergentes, devido a uma pressão evolutiva similar, ao redor do mundo, durante o processo de infecção de milhões de pessoas. A nota técnica reforça ainda, que **“se essas mutações conferem alguma vantagem seletiva para a transmissibilidade viral, devemos esperar um aumento da frequência dessas linhagens virais no Brasil e no mundo nos próximos meses”** (BRASIL, 2021a).

Autoridades dos Estados Unidos e da Europa, até o momento, posicionam-se informando **não haver evidências de que as novas variantes da COVID-19 provoquem casos mais graves da doença ou maior risco de morte** (CDC, 2021 e ECDC, 2020). A OMS (2021a) ressalta que **pesquisas ainda estão em andamento para determinar o impacto das novas variantes na transmissão, casos graves da doença, bem como quaisquer potenciais impactos nas vacinas, tratamentos e diagnóstico**. Contudo, as autoridades de saúde pública devem ficar alertas e considerarem a possibilidade de realizar sequenciamento sistemático de grupos de viajantes que chegam aos seus destinos, bem como realizar amostragem na comunidade para verificar a existência e a extensão da transmissão local e, após, compartilhar os dados dos sequenciamentos internacionalmente (WHO, 2021a).

No que se refere, especificamente, sobre o impacto de tais mutações na faixa etária escolar, publicação de dezembro do Centro Europeu de Prevenção e Controle de Doenças (ECDC), considerou que dados específicos, por idade, para áreas com e sem alta circulação de VOC 202012/01 ainda não estavam disponíveis, por outro lado, observa-se que a taxa de positividade de testes SARS-CoV-2 foi mais alta entre crianças em idade escolar, na Inglaterra, na semana de 12 a 18 de dezembro, período no qual as escolas estavam abertas; podendo estar relacionadas a infecções que ocorrem na comunidade e / ou em ambientes escolares. Além disso, a publicação pontua que o fechamento de escolas provavelmente seria uma medida eficaz se a variante VOC 202012/01 mostrar-se mais transmissível em crianças (ECDC, 2020).

Por fim, acrescenta-se que as novas mutações do SARS-CoV-2, detectadas no Brasil, não interferem nos resultados dos testes dos pacientes infectados, pois as recentes alterações no genoma viral ocorreram em genes diferentes daqueles que são amplificados nos testes moleculares realizados no país. Como medida de

identificação e contenção, foi estabelecido o fluxo de amostras relacionadas a pacientes provenientes do Reino Unido, para identificar e caracterizar as amostras positivas nos laboratórios de referência para vírus respiratórios, onde serão realizados os sequenciamentos genômicos (BRASIL, 2021).

REFERÊNCIAS

BRASIL. Ministério da Saúde. FioCruz. Nota Técnica 01/2021. Relação filogenética de sequências SARS-CoV-2 do Amazonas com variantes emergentes brasileiras que abrigam mutações E484K e N501Y na proteína Spike. 2021a. Acesso em 18/01/2021.

BRASIL. Ministério da Saúde. BE 44 – Boletim Epidemiológico Especial Doença pelo coronavírus COVID-19 Semana Epidemiológica 53 (27/12/2020 a 2/1/2021). 2021b. Acesso em 14/01/2021.

CDC – CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION. New COVID-19 variants. 2021. Acesso em 18/01/2021.

ECDC – EUROPEAN CENTRE FOR DISEASE PREVENTION AND CONTROL. Risk assessment: risk related to spread of new SARS-CoV-2 variants of concern in the EU/EEA. 2020. Acesso em 18/01/2021.

SEIXAS M. Fiocruz publica Nota Técnica sobre nova variante do Sars-CoV-2 no Amazonas. FioCruz Amazonia. 2021. Acesso em 18/01/2021.

WHO – WORLD HEALTH ORGANIZATION. SARS-CoV-2 Variants. 2020. Acesso em 13/01/2021.

WHO – WORLD HEALTH ORGANIZATION. Weekly epidemiological update – 12 January 2021. 2021a. Acesso em 13/01/2021.

WHO – WORLD HEALTH ORGANIZATION. Weekly epidemiological update – 5 January 2021. 2021b. Acesso em 13/01/2021.