

#comunicacaobutantan



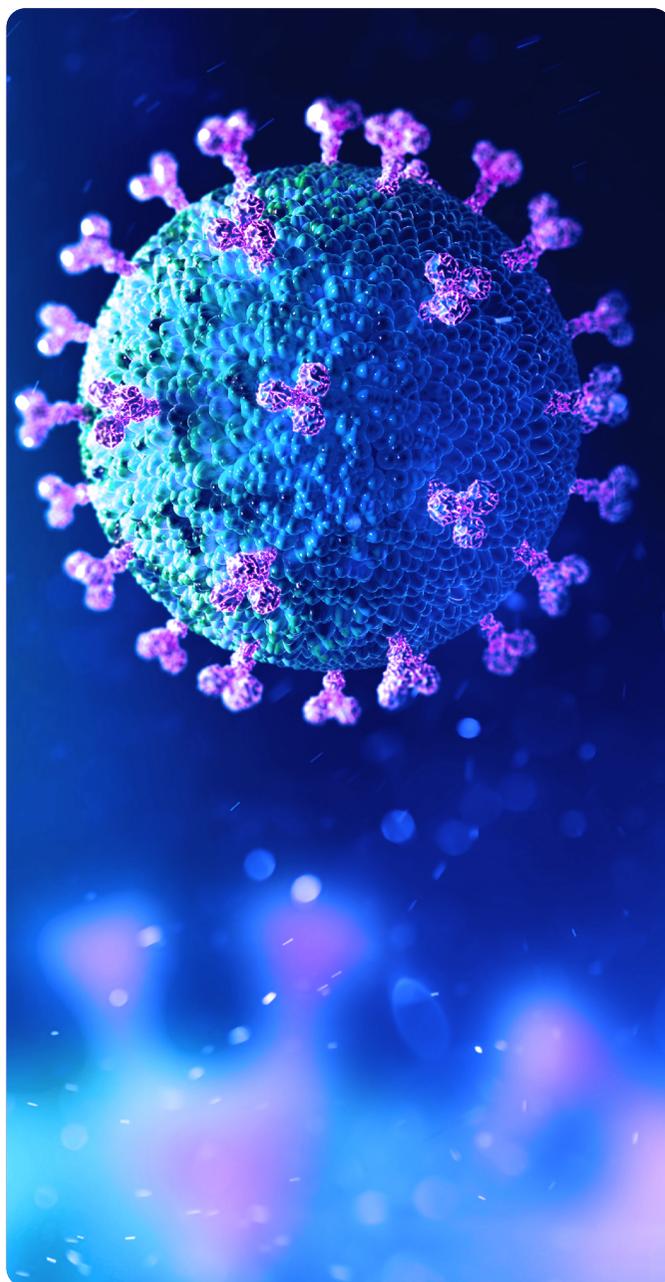
**BOLETIM EPIDEMIOLÓGICO DA
REDE DE ALERTA DAS VARIANTES DO
SARS-COV-2**

ESTADO DE SÃO PAULO | INSTITUTO BUTANTAN

BOLETIM ELABORADO A PARTIR DOS DADOS SEQUENCIADOS ATÉ **15/12/2022**



GOVERNO DO ESTADO DE SÃO PAULO



HIGHLIGHTS



Identificados **oito diferentes clados da variante Ômicron**, com 50 subvariantes circulantes no estado de São Paulo, no período entre a 19ª e 46ª semana epidemiológica (SE)



Na 43ª SE foi identificada a **subvariante BQ.1**, que é uma **sublinhagem da BA.5**, além da **XBB.1**, que é uma recombinante das sublinhagens **BA.2.10.1** e **BA.2.75**, já identificada em outros 35 países



Na 44ª SE a **subvariante CK.2.1.1** foi identificada. A subvariante **XBB.1** foi encontrada na cidade de São Paulo e a **CK.2.1.1** em Ribeirão Preto, ambas pela **primeira vez** no Brasil



Na 44ª SE também **foram identificadas cinco novas subvariantes** de SARS-CoV-2, sendo todas elas variantes de monitoramento (BF.14.1, BQ.1.1.17, BQ.1.1.18, BQ.1.1.4, BQ.1.22). A **BQ.1.22** foi identificada pela **primeira vez** no Brasil



Na 45ª SE também foi identificada pela **primeira vez** no Brasil a **BN.1.3.1**, no entanto, esta não é uma variante de monitoramento

CONTEXTUALIZAÇÃO DA AMOSTRA



A Rede de Alerta foi criada em 2021 pelo Instituto Butantan com o objetivo de conhecer as variantes de SARS-CoV-2 circulantes no estado de São Paulo. Em 2022, o Centro para Vigilância Viral e Avaliação Sorológica (CeVIVAS) foi implementado para dar continuidade a este trabalho. Assim, o presente boletim apresenta o sequenciamento do SARS-CoV-2 da Rede de Alerta-CeVIVAS.

As amostras positivas para SARS-CoV-2 foram enviadas pelos municípios do estado de São Paulo, de acordo com o fluxo de testagem de cada município, para o Instituto Butantan. Este boletim refere-se ao período entre a 19ª a 46ª semana epidemiológica de 2022. Foram sequenciados um total de 2.698 genomas completos provenientes da cidade de São Paulo e de 23 municípios do interior do estado.

As nomenclaturas das variantes são definidas de acordo com a Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages – Pango lineages, disponível em <https://cov-lineages.org/lineages.html>. Os metadados foram extraídos do Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL) do Estado de São Paulo, onde há o registro das testagens de SARS-CoV-2 da maioria das cidades paulistas.

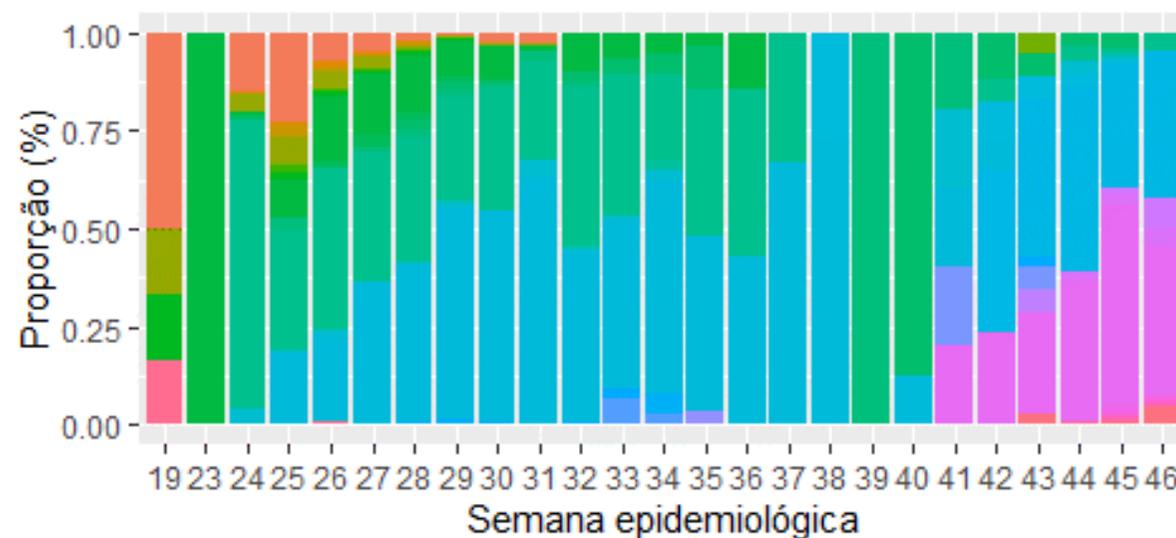


Distribuição das variantes e subvariantes do SARS-CoV-2 por semana epidemiológica

GRÁFICO 1.

Distribuição da proporção das variantes e subvariantes do SARS-CoV-2 da 19ª a 46ª semana epidemiológica no estado de São Paulo, 2022

Nas semanas epidemiológicas (SE) analisadas (19ª a 46ª), foram identificadas 50 variantes e subvariantes da VOC Ômicron circulando no estado de São Paulo (Gráfico 1).



Variantes e Subvariantes

BA.1.1.1	BA.2.52	BA.5	BA.5.6	BQ.1.1
BA.2	BA.2.56	BA.5.1	BE.1	BQ.1.1.17
BA.2.10	BA.2.7	BA.5.1.10	BF.1	BQ.1.1.18
BA.2.12	BA.2.75	BA.5.1.15	BF.12	BQ.1.1.4
BA.2.12.1	BA.2.81	BA.5.1.2	BF.14	BQ.1.10
BA.2.18	BA.2.9	BA.5.1.3	BF.6	BQ.1.2
BA.2.23	BA.2.9.3	BA.5.2	BG.2	BQ.1.22
BA.2.3	BA.4	BA.5.2.1	BN.1	CK.2.1.1
BA.2.36	BA.4.1	BA.5.3.1	BN.1.3.1	XAG
BA.2.48	BA.4.6	BA.5.5	BQ.1	XBB.1

REDE ALERTA - CeVIVAS



Distribuição das variantes e subvariantes do SARS-CoV-2 por semana epidemiológica

 Na 19ª SE a variante predominante foi a BA.2. Já na 23ª SE apenas a variante BA.4 foi identificada (Gráfico 1). A partir da 24ª SE as subvariantes BA.5.2.1 e BA.5.1 foram identificadas, sendo predominantes até a 37ª SE. Na 38ª SE apenas a subvariante BA.5.2.1 foi identificada e na 39ª SE apenas a variante BA.5.

 A partir da 41ª SE a subvariante BQ.1.1 foi identificada, apresentando uma tendência crescente até a 46ª SE. A BQ.1.1 é uma sublinhagem que carrega uma mutação adicional (R346T). Não há dados sobre casos graves ou escape imune relatados. É provável que suas mutações adicionais tenham acarretado alguma vantagem de transmissão e escape imune em relação a outras sublinhagens de Ômicron. Porém, isso ainda precisa ser investigado (Gráfico 1).

 Na 43ª SE foi identificada a subvariante BQ.1, que é uma sublinhagem da BA.5, além da XBB.1, que é uma recombinante das sublinhagens BA.2.10.1 e BA.2.75, já identificada em outros 35 países. Segundo a nota da Organização Mundial da Saúde, existem evidências preliminares que sugerem um risco maior de reinfeção para essas subvariantes, comparadas a outras sublinhagens de Ômicron. Por enquanto, a OMS a classifica como VUM (Variante sob Monitoramento) (Gráfico 1).

 Na 44ª SE a subvariante CK.2.1.1 foi identificada. A subvariante XBB.1 foi encontrada na cidade de São Paulo e a CK.2.1.1 em Ribeirão Preto, ambas pela primeira vez no Brasil. Na 44ª SE também foram identificadas cinco novas subvariantes do SARS-CoV-2, sendo todas elas variantes de monitoramento (BF.14.1, BQ.1.1.17, BQ.1.1.18, BQ.1.1.4 e BQ.1.22), e a última foi identificada pela primeira vez no Brasil. Na 45ª SE também foi identificada pela primeira vez no país a BN.1.3.1, no entanto, esta não é uma variante de monitoramento (Gráfico 1).

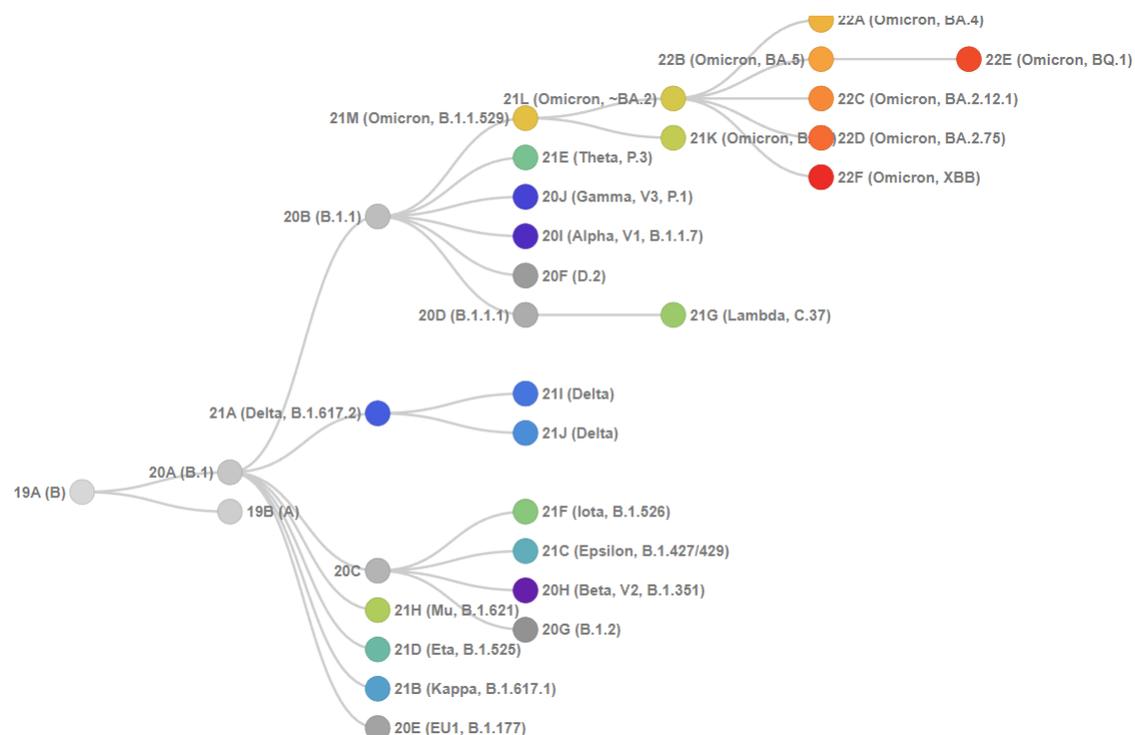
 Devido a grande quantidade de linhagens do SARS-CoV-2, adota-se o agrupamento daquelas que possuem características genéticas semelhantes (mutações) para melhor compreensão dos dados. Cada grupo é denominado de clado. Todos os clados formados podem ser estruturados em um diagrama (cladograma) que mostra as relações evolutivas entre cada um deles (Figura 1). Cada clado é nomeado por um número seguido de uma letra. O número representa os dois últimos dígitos do ano no qual aquele clado foi estabelecido; a letra é determinada em ordem alfabética, seguindo a ordem de atribuição dos clados. Deste modo, ao observar a Figura 1, nota-se que o clado 22E da variante BQ.1 (e subvariantes) é o quinto clado atribuído no ano de 2022, sendo descendente do clado 22B.

FIGURA 1.

Ilustração do diagrama dos clados (cladograma) de SARS-CoV-2.

Em parênteses está a principal variante do clado e a denominação da OMS (caso tenha sido atribuída pela organização).

Retirado de: <https://clades.nextstrain.org/>



Com a organização de clados, torna-se mais fácil identificar qual variante (e subvariantes) dominava no estado de São Paulo em cada semana epidemiológica. Ao todo, 8 variantes principais (clados) diferentes, incluindo variantes recombinantes, circularam pelo estado (Gráfico 2)

Na primeira semana epidemiológica de análise (19^a), o clado predominante foi o 21L (BA.2 e sublinhagens), sendo substituído pelo clado 22A (BA.4 e sublinhagens) na semana epidemiológica 23. A partir da 24^a SE até a 39^a SE o clado 22B (BA.5 e sublinhagens) foi predominante. Na 41^a SE surge o clado 22E (BQ.1 e sublinhagens), se tornando predominante a partir da 45^a SE.

Nota-se que o clado 22B (BA.5 e sublinhagens) foi o que predominou por mais tempo. No entanto, está sendo gradualmente substituído pelo clado 22E (BQ.1 e sublinhagens).



Distribuição da proporção dos clados da VOC Ômicron por semana epidemiológica

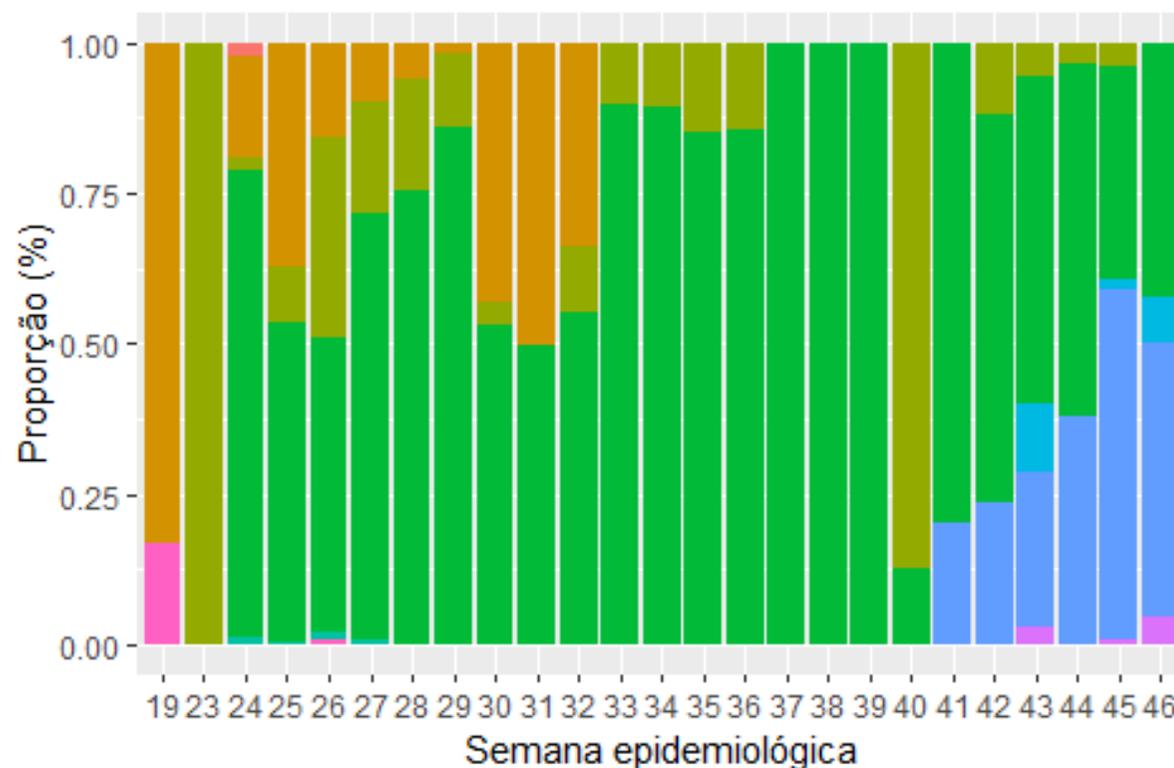


GRÁFICO 2.

Distribuição da proporção dos clados da VOC Ômicron da 19^a a 46^a semana epidemiológica, do estado de São Paulo, 2022

clade 21K (Omicron) 21L (Omicron) 22A (Omicron) 22B (Omicron) 22C (Omicron) 22D (Omicron) 22E (Omicron) 22F (Omicron) Recombinante

REDE ALERTA - CeVIVAS

Boletim Epidemiológico elaborado por Alex Ranieri Jerônimo Lima, Antonio Jorge Martins, Camila Calixto Moreira Dias, Claudia Renata dos Santos Barros, Debora Botequio Moretti, Dimas Tadeu Covas, Durval de Moraes Jr, Elaine Cristina Marqueze, Gabriela Ribeiro, Luiz Carlos Junior de Alcantara, Maria Carolina Quartim Barbosa Elias Sabbaga, Maurício César Ando, Raul Machado Neto, Ricardo Haddad, Sandra Coccuzzo Sampaio Vessoni, Simone Kashima, Svetoslav Nanev Slavov, Thais Francini Garbieri, Vincent Louis Viala

BOLETIM EPIDEMIOLÓGICO DA REDE DE ALERTA DAS VARIANTES DO SARS-COV-2

Estado de São Paulo – Instituto Butantan

Revisão e design: #comunicacaobutantan

INSTITUTO BUTANTAN

Avenida Vital Brasil, 1500
Butantã, São Paulo/SP
CEP: 05503-900

CENTRO ADMINISTRATIVO

Avenida da Universidade, 210
Butantã, São Paulo/SP
CEP: 05508-040

