

<b>NOTA TÉCNICA CONJUNTA Nº 09/FIOCRUZ/ILMD e FVS-AM</b>	<b>ASSUNTO: Caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no Estado do Amazonas.</b>
<b>DATA: 28/01/2021</b>	<b>OBJETIVO: monitoramento e caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do Amazonas, Brasil.</b>
<b>AMAZONAS</b>	

Em março de 2020, o Instituto Leônidas e Maria Deane (ILMD) FIOCRUZ – AMAZÔNIA, em parceria com a Fundação de Vigilância em Saúde do estado do Amazonas (FVS-AM) por meio do Laboratório Central de Saúde Pública do Amazonas (LACEN-AM), iniciou, além das estratégias de diagnóstico molecular da doença, as ações de Vigilância Genômica para o monitoramento e caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do Amazonas, Brasil.

O primeiro caso estudado foi de um portador assintomático que retornava de Madrid, Espanha, local que vivia uma escalada dramática no número de casos de COVID-19 em 2020. Por este motivo, mesmo sendo assintomático, foi realizada a testagem dentro do programa permanente de vigilância de vírus emergentes/reemergentes e negligenciados do ILMD.

Após a confirmação do caso foi realizada a notificação oficial nos sistemas oficiais do Ministério da Saúde. O processo entre a identificação do caso de infecção, a preparação e o sequenciamento da amostra, e a sua disponibilização para a comunidade científica mundial durou oito dias. Esse primeiro caso foi então confirmado como pertencente à linhagem A.2, com estreita relação filogenética com amostras espanholas, confirmando o vínculo epidemiológico e o nexos temporal (NASCIMENTO et al., 2020).

MEM INST OSWALDO CRUZ, RIO DE JANEIRO, VOLUME 115 | AUGUST 2020

SHORT COMMUNICATION

## Genomic and phylogenetic characterisation of an imported case of SARS-CoV-2 in Amazonas State, Brazil

Valdinete Alves do Nascimento<sup>1,2</sup>, André de Lima Guerra Corado<sup>1,2</sup>, Fernanda Oliveira do Nascimento<sup>1,3</sup>, Ágatha Kelly Araújo da Costa<sup>1,3</sup>, Debora Camila Gomes Duarte<sup>4</sup>, Sérgio Luiz Bessa Luz<sup>1,3</sup>, Luciana Mara Fé Gonçalves<sup>4</sup>, Michele Silva de Jesus<sup>1</sup>, Cristiano Fernandes da Costa<sup>4</sup>, Edson Delatorre<sup>5</sup>, Felipe Gomes Naveca<sup>1,2,3,6,\*</sup>

<sup>1</sup>Fundação Oswaldo Cruz-Fiocruz, Instituto Leônidas e Maria Deane, Manaus, AM, Brasil

<sup>2</sup>Fundação Oswaldo Cruz-Fiocruz, Instituto Oswaldo Cruz, Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, Rio de Janeiro, RJ, Brasil

<sup>3</sup>Fundação Oswaldo Cruz-Fiocruz, Instituto Leônidas e Maria Deane, Programa de Pós-Graduação em Biologia da Interação Patógeno-Hospedeiro, Manaus, AM, Brasil

<sup>4</sup>Fundação de Vigilância em Saúde do Amazonas, Manaus, AM, Brasil

<sup>5</sup>Universidade Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências Exatas, Naturais e da Saúde, Departamento de Biologia, Vitória, ES, Brasil

<sup>6</sup>Rede Genômica de Vigilância em Saúde do Estado do Amazonas, Manaus, AM, Brasil

DOI: 10.1590/0074-02760200310

SHARE

932 VIEWS

357 DOWNLOADS

Figura 1. Artigo científico com o primeiro genoma do SARS-CoV-2 na região norte.

<https://memorias.ioc.fiocruz.br/article/10723/0310-genomic-and-phylogenetic-characterization-of-an-imported-case-of-sars-cov-2-in-amazonas-state-brazil>

<b>NOTA TÉCNICA CONJUNTA Nº 09/FIOCRUZ/ILMD e FVS-AM</b>	<b>ASSUNTO: Caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no Estado do Amazonas.</b>
<b>DATA: 28/01/2021</b>	<b>OBJETIVO: monitoramento e caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do Amazonas, Brasil.</b>
<b>AMAZONAS</b>	

O surgimento das linhagens virais é um processo natural, resultado do acúmulo de mutações ao longo do tempo em que um vírus circula em uma população. Baseado na evolução do SARS-CoV-2, um grupo de pesquisadores desenvolveu um sistema de classificação em linhagens, tendo como base dois grandes ramos que receberam a denominação de A e B. Assim, à medida que foram surgindo diferenciações genéticas dentro de cada grande ramo, foram sendo designadas linhagens A.1, A.2, B.1, B.1.1, e assim sucessivamente.

Com relação aos dados do estado do Amazonas, até 13 de janeiro de 2021, foram sequenciados **250 genomas**, sendo 177 provenientes de Manaus e outros 73 provenientes de 24 municípios do interior (Anori, Autazes, Barreirinha, Caapiranga, Carauari, Careiro, Iranduba, Itacoatiara, Jutai, Lábrea, Manacapuru, Manaquiri, Manicoré, Maués, Nova Olinda do Norte, Parintins, Presidente Figueiredo, Rio Preto da Eva, Santa Isabel do Rio Negro, Santo Antônio do Içá, São Gabriel da Cachoeira, Tabatinga, Tapauá e Urucará). No total, 18 linhagens foram identificadas, conforme a Tabela 1. Destacam-se a frequência das linhagens B.1.1.28 (33,6%), B.1.195 (18,8%), B.1.1.33 (11,6%) e, desde dezembro de 2020 a emergência da linhagem P.1 (nova variante brasileira).

<b>Linhagem</b>	<b>AM</b>	<b>Global</b>	<b>Total</b>	<b>%</b>
<b>A.2</b>	1	1047	1048	0,10%
<b>B.1</b>	1	19212	19213	0,01%
<b>B.1.1.10</b>	1	542	543	0,18%
<b>B.1.1.119</b>	3	25	27	7,41%
<b>B.1.1.143</b>	2	29	31	6,45%
<b>B.1.1.220</b>	1	203	204	0,49%
<b>B.1.1.28</b>	84	259	343	24,49%
<b>B.1.1.289</b>	3	424	427	0,70%
<b>B.1.1.33</b>	29	478	507	5,72%
<b>B.1.1.38</b>	2	200	202	0,99%
<b>B.1.1.51</b>	1	512	513	0,19%
<b>B.1.111</b>	4	47	51	7,84%
<b>B.1.179</b>	1	81	82	1,22%
<b>B.1.195</b>	47	55	102	46,08%
<b>B.1.395</b>	1	94	95	1,05%
<b>N.1</b>	1	23	24	4,17%
<b>P.1</b>	60	-	-	-
<b>P.2</b>	8	-	-	-

**Tabela 1. Linhagens (18) identificadas no Amazonas, segundo critério de classificação Pangolin COVID-19** (<https://pangolin.cog-uk.io>). P.1 em vermelho é a nova variante que causa preocupação (VOC, do inglês *Variant of Concern*) identificada no Amazonas.





Ministério da Saúde

FIOCRUZ

Fundação Oswaldo Cruz


**ILMD** INSTITUTO LEÔNIDAS  
& MARIA DEANE  
Fiocruz Amazônia

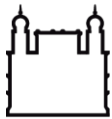
 Fundação de  
**Vigilância em**  
 Saúde do Amazonas

<b>NOTA TÉCNICA CONJUNTA Nº 09/FIOCRUZ/ILMD e FVS-AM</b>	<b>ASSUNTO: Caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no Estado do Amazonas.</b>
<b>DATA: 28/01/2021</b>	<b>OBJETIVO: monitoramento e caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do Amazonas, Brasil.</b>
<b>AMAZONAS</b>	

Municípios	Sequências	% do AM	N Linhagens	Linhagens
Anori	2	0,8%	2	B.1.195; P.1
Autazes	1	0,4%	1	B.1.1.28
Barreirinha	1	0,4%	1	B.1
Caapiranga	2	0,8%	1	B.1.1.28
Carauari	2	0,8%	1	B.1.1.28
Careiro	6	2,4%	3	B.1.1.28; B.1.1.33, P.1
Irlanduba	5	2,0%	3	B.1.1.28; B.1.195; P.1
Itacoatiara	2	0,8%	1	B.1.195
Jutai	1	0,4%	1	B.1.195
Lábrea	3	1,2%	2	B.1.1.28; B.1.195
Manacapuru	11	4,4%	5	B.1.195; B.1.1.28; B.1.1.33; B.1.1.143; P.1
Manaquiri	6	2,4%	2	B.1.1.28; B.1.195
Manaus	177	70,8%	16	A.2; B.1.1.10; B.1.1.119; B.1.1.143; B.1.1.220; B.1.1.28; B.1.1.289; B.1.1.33; B.1.1.38; B.1.1.51; B.1.179; B.1.195; B.1.395; N.1; P.1; P.2
Manicoré	4	1,6%	3	B.1.1.28; B.1.195; B.1.1.289
Maués	1	0,4%	1	B.1.195
Nova Olinda do Norte	1	0,4%	1	B.1.195
Parintins	3	1,2%	3	B.1.195
Presidente Figueiredo	5	2,0%	3	B.1.195; B.1.1.33; P.1
Rio Preto da Eva	3	1,2%	2	B.1.1.119; P.1
Santa Isabel do Rio Negro	1	0,4%	1	B.1.195
Santo Antônio do Itá	2	0,8%	1	B.1.195
São Gabriel da Cachoeira	2	0,8%	2	B.1.195; P.1
Tabatinga	7	2,8%	3	B.1.111; B.1.195; P.1
Tapauá	1	0,4%	1	B.1.1.28
Urucará	1	0,4%	1	B.1.1.33

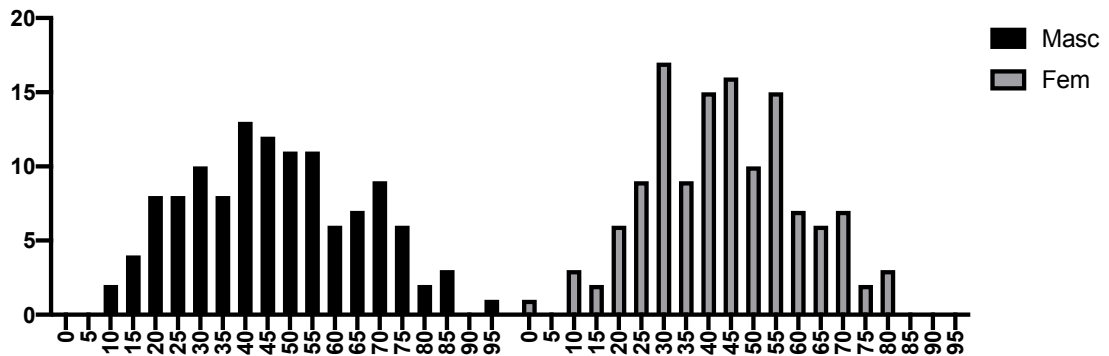
Tabela 2. Distribuição de linhagens do SARS-CoV-2 por municípios do Amazonas. Total de 250 genomas provenientes de 25 municípios.



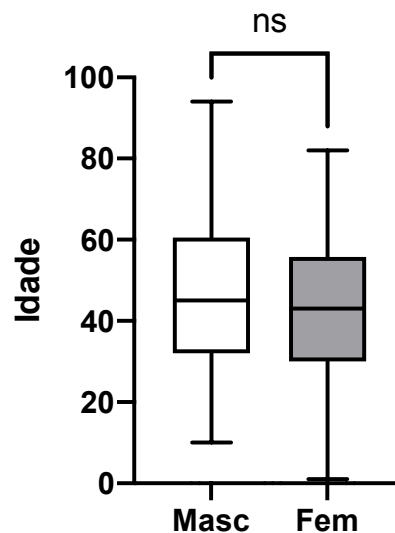


<b>NOTA TÉCNICA CONJUNTA    Nº 09/FIOCRUZ/ILMD e FVS-AM</b>	<b>ASSUNTO: Caracterização genética do    SARS-CoV-2 circulante no Estado do    Amazonas.</b>
<b>DATA: 28/01/2021</b>	<b>OBJETIVO: monitoramento e caracterização    genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do    Amazonas, Brasil.</b>
<b>AMAZONAS</b>	

**Distribuição de frequências - faixa etária**



**Distribuição de sexo e idade N= 250**



**Figura 2. Distribuição de genomas sequenciados por idade e sexo dos pacientes. A diferença entre os grupos não é estatisticamente significativa.**





<b>NOTA TÉCNICA CONJUNTA</b> <b>Nº 09/FIOCRUZ/ILMD e FVS-AM</b>	<b>ASSUNTO: Caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no Estado do Amazonas.</b>
<b>DATA: 28/01/2021</b>	<b>OBJETIVO: monitoramento e caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do Amazonas, Brasil.</b>
<b>AMAZONAS</b>	

No dia 10 de janeiro de 2021 pesquisadores do Instituto de doenças infecciosas do Japão encontraram uma nova variante do SARS-CoV-2 em pacientes que retornavam do Amazonas, Brasil. De posse dessa informação, nós comparamos os genomas aos genomas que havíamos acabado de concluir, correspondentes ao mês de novembro de 2020. Os resultados das análises filogenéticas confirmaram a origem a partir da linhagem B.1.1.28 que circula no Amazonas (figura 3).

### Phylogenetic relationship of SARS-CoV-2 sequences from Amazonas with emerging Brazilian variants harboring mutations E484K and N501Y in the Spike protein

SARS-CoV-2 coronavirus | nCoV-2019 Genomic Epidemiology



paola

1 / 7d

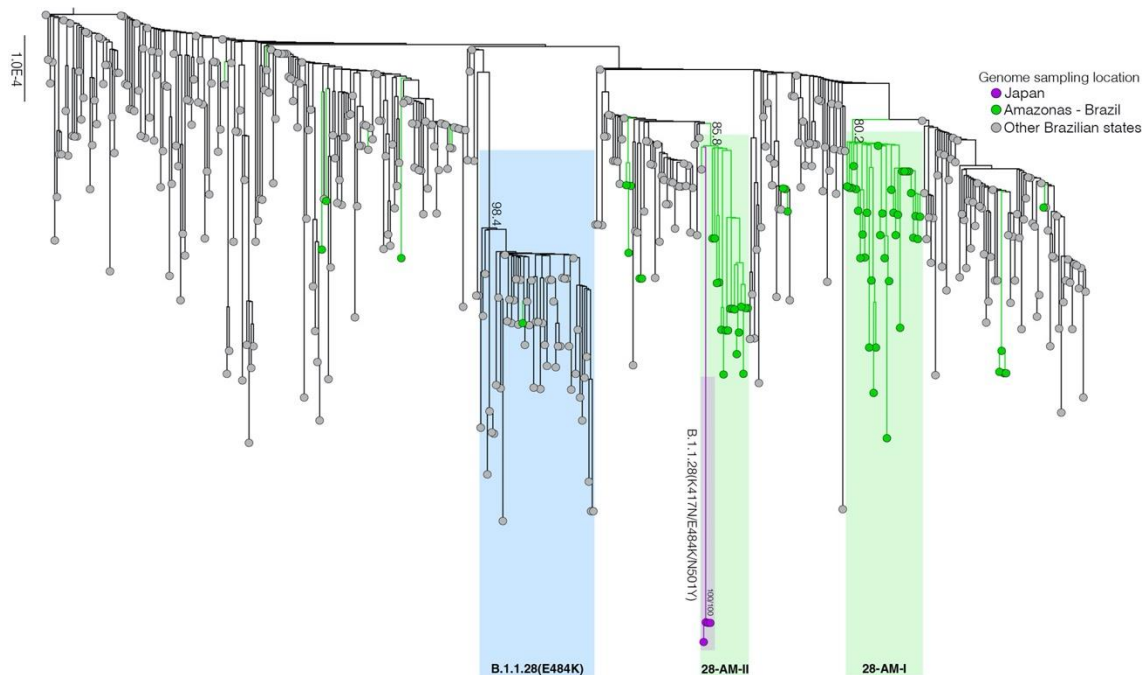
Jan 11

1 / 1  
 Jan 12

**Phylogenetic relationship of SARS-CoV-2 sequences from Amazonas with emerging Brazilian variants harboring mutations E484K and N501Y in the Spike protein**

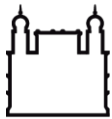
Felipe Naveca 1, Valdinete Nascimento 1, Victor Souza 1, André Corado 1, Fernanda Nascimento 1, George Silva 1, Ágatha Costa 1, Débora Duarte 1, Karina Pessoa 1, Luciana Gonçalves 2, Maria Júlia Brandão 1, Michele Jesus 3, Cristiano Fernandes 2, Rosemary Pinto 2, Marineide Silva 4, Tirza Mattos 4, Gabriel Luz Wallau 5, Marilda Mendonça Siqueira 6, Paola Cristina Resende 6\*, Edson Delatorre 7\*, Tiago Gráf 8\*, Gonzalo Bello 9\*

\*These authors contributed equally to this work



**Figura 3. Árvore filogenética mostrando a relação entre a nova variante (roxa) e a linhagem B.1.1.28 AM-II.** <https://virological.org/t/phylogenetic-relationship-of-sars-cov-2-sequences-from-amazonas-with-emerging-brazilian-variants-harboring-mutations-e484k-and-n501y-in-the-spike-protein/585>





<b>NOTA TÉCNICA CONJUNTA    Nº 09/FIOCRUZ/ILMD e FVS-AM</b>	<b>ASSUNTO: Caracterização genética do    SARS-CoV-2 circulante no Estado do    Amazonas.</b>
<b>DATA: 28/01/2021</b>	<b>OBJETIVO: monitoramento e caracterização    genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do    Amazonas, Brasil.</b>
<b>AMAZONAS</b>	

No dia 30 de dezembro de 2020 foi detectado um possível caso de reinfecção. Iniciamos então o preparo para o sequenciamento nucleotídico, etapa fundamental para confirmação do caso - que foi concluída em 13/01/2021, junto com o sequenciamento de outras amostras do início de dezembro de 2020. No mesmo dia 13/01, após a análise filogenética, foi possível identificar que se tratava da nova variante denominada P.1 (B.1.1.28.1). O caso foi então imediatamente notificado ao CIEVS.



**REDE CIEVS**  
 Centro de Informações Estratégicas em Vigilância em Saúde

**Ministério da Saúde**  
**Secretaria de Vigilância em Saúde**  
**Departamento de Saúde Ambiental, do Trabalhador e Vigilância das**  
**Emergências em Saúde Pública**  
**Coordenação-Geral de Emergências em Saúde Pública**

<b>COMUNICAÇÃO DE RISCO</b>	<b>Nº 3</b>	<b>13/01/2021</b>
-----------------------------	-------------	-------------------

### INTRODUÇÃO

A Comunicação de risco tem como objetivo apoiar na divulgação rápida e eficaz de conhecimentos às populações, parceiros e partes intervenientes possibilitando o acesso às informações fidedignas que possam apoiar nos diálogos para tomada de medidas de proteção e controle em situações de emergência em saúde pública.

### ALERTA EPIDEMIOLÓGICO INTERNACIONAL

**Evento:** 2ª Caso de reinfecção por nova cepa variante do SARS-CoV-2 identificada no Amazonas

**Local:** Amazonas, AM

**Data de notificação:** 13/01/2021, às 23:30, pelo CIEVS AM, a partir da confirmação da Fiocruz Amazonas, Laboratório de Referência para diagnóstico da Covid-19

**Figura 4. Alerta nacional do CIEVS quanto ao caso de reinfecção no AM, a partir dos dados gerados pela Fiocruz em parceria com a FVS-AM e LACEN-AM.**





<b>NOTA TÉCNICA CONJUNTA Nº 09/FIOCRUZ/ILMD e FVS-AM</b>	<b>ASSUNTO: Caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no Estado do Amazonas.</b>
<b>DATA: 28/01/2021</b>	<b>OBJETIVO: monitoramento e caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do Amazonas, Brasil.</b>
<b>AMAZONAS</b>	

### SARS-CoV-2 reinfection by the new Variant of Concern (VOC) P.1 in Amazonas, Brazil

SARS-CoV-2 coronavirus | nCoV-2019 Genomic Epidemiology



paola

16h

Jan 17

#### SARS-CoV-2 reinfection by the new Variant of Concern (VOC) P.1 in Amazonas, Brazil

Felipe Naveca 1,2,3, Cristiano da Costa 2,4, Valdinete Nascimento 1,2,3, Victor Souza 1,2,3, André Corado 1,2,3, Fernanda Nascimento 1,2,3, Ágatha Costa 1,2,3, Débora Duarte 1,2,3, George Silva 1,2,3, Matilde Mejía 1,2,3, Karina Pessoa 1,2,3, Luciana Gonçalves 2,4, Maria Júlia Brandão 1,2,3, Michele Jesus 2,3,5, Rosemary Pinto 2,4, Marineide Silva 2,6, Tirza Mattos 2,6, Lígia Abdalla 7, João Hugo Santos 8, Rubens Costa-Filho 9, Gabriel Luz Wallau 3,10, Marilda Mendonça Siqueira 3,11, Edson Delatorre\*, 3,12, Tiago Gräf\*, 3,13, Gonzalo Bello\*, 3,14, Paola Cristina Resende\*, 3,11.

1 / 2  
Jan 18

Figura 5. Detalhamento do caso de reinfecção. <https://virological.org/t/sars-cov-2-reinfection-by-the-new-variant-of-concern-voc-p-1-in-amazonas-brazil/596/3>

No dia 24/01/2021 foi concluído o sequenciamento de mais 85 genomas do SARS-CoV-2 circulante no Amazonas. Assim, temos somente no período de novembro até 13/01/2021 os seguintes dados:

#### Novembro (24 genomas):

**P.1 = 0**; P.2 1/24 (4,2%); B.1.1.28 18/24 (75%); B.1.1.10 1/24 (4,2%); B.1.1.220 1/24 (4,2%); B.1.1.33 2/24 (8,3%); B.1.1.51 1/24 (4,2%).

#### Dezembro (55 genomas):

**P.1 = 28/55 (51%)**; P.2 5/55 (9%); B.1.1.28 18/55 (32,8%); B.1.1.33 4/55 (7,2%)

#### Janeiro (35 genomas):

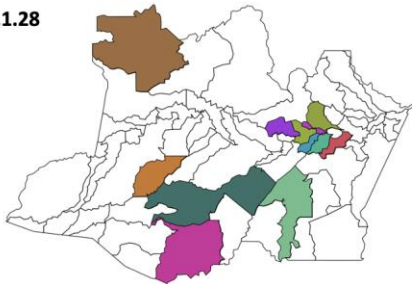
**P.1 = 32/35 (91,4%)**; P.2 2/35 (5,7%); B.1.1.33 1/35 (2,8%).



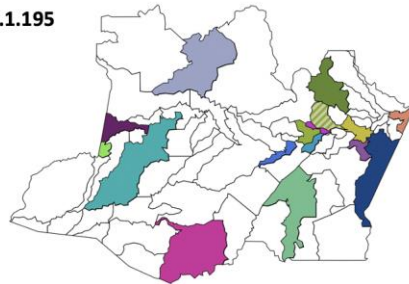


<b>NOTA TÉCNICA CONJUNTA</b> <b>Nº 09/FIOCRUZ/ILMD e FVS-AM</b>	<b>ASSUNTO: Caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no Estado do Amazonas.</b>
<b>DATA: 28/01/2021</b>	<b>OBJETIVO: monitoramento e caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do Amazonas, Brasil.</b>
<b>AMAZONAS</b>	

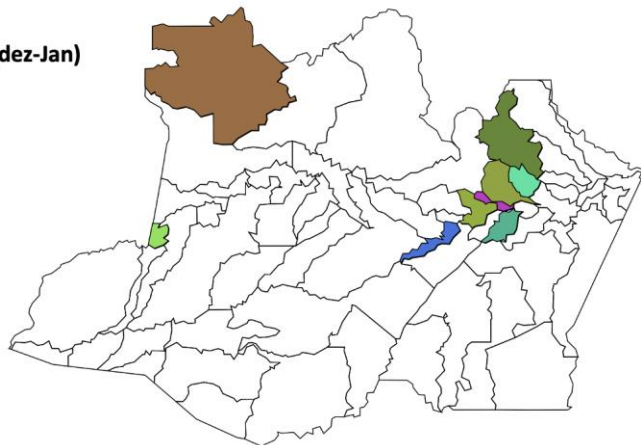
**B.1.1.28**



**B.1.195**



**P.1 (dez-Jan)**



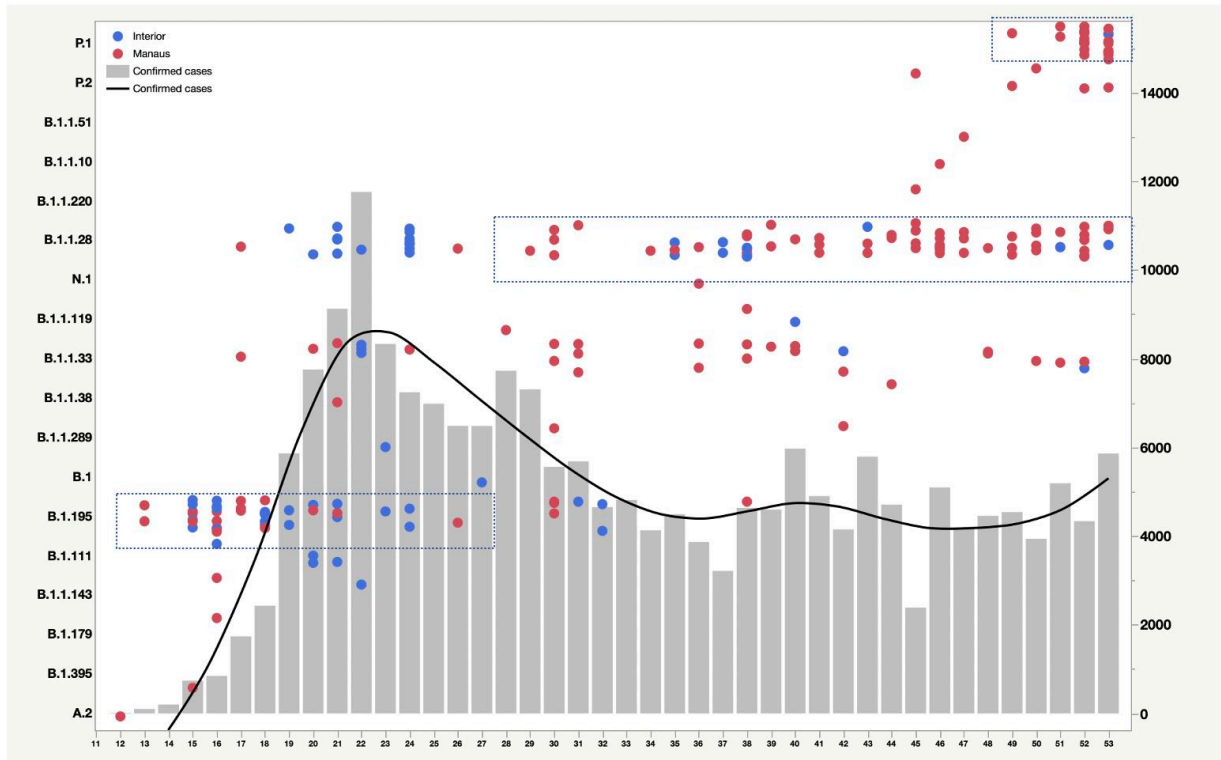
**Figura 6. Distribuição espacial das principais linhagens por municípios do estado do Amazonas, Brasil.** P.1 detectada em: Manaus, Rio Preto da Eva, Careiro, Anori, São Gabriel da Cachoeira, Iranduba, Rio Preto da Eva, Presidente Figueiredo, Tabatinga, Careiro e Manacapuru.





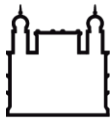


<b>NOTA TÉCNICA CONJUNTA    Nº 09/FIOCRUZ/ILMD e FVS-AM</b>	<b>ASSUNTO: Caracterização genética do    SARS-CoV-2 circulante no Estado do    Amazonas.</b>
<b>DATA: 28/01/2021</b>	<b>OBJETIVO: monitoramento e caracterização    genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do    Amazonas, Brasil.</b>
<b>AMAZONAS</b>	

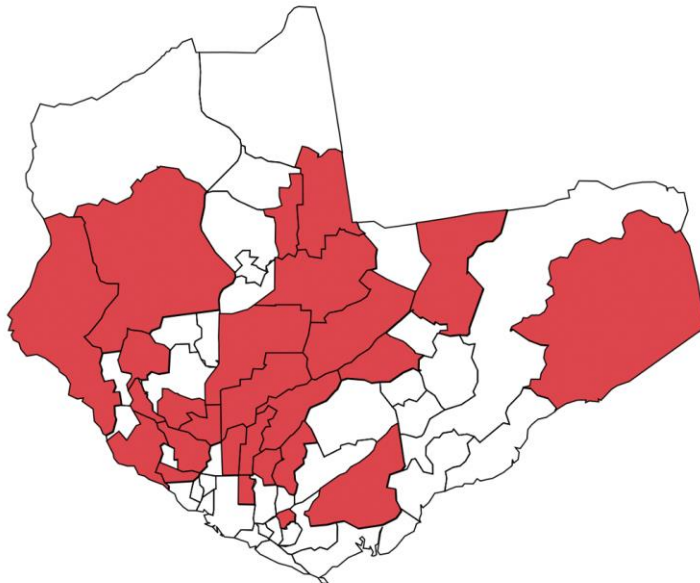


**Figura 7. Evolução da Linhagens no estado do Amazonas, por número de casos confirmados e semana epidemiológica – 2020. Destaque para B.1.195; B.1.1.28 e P.1.**

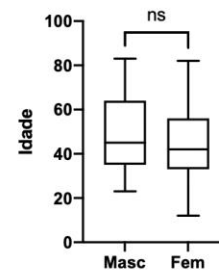




<b>NOTA TÉCNICA CONJUNTA Nº 09/FIOCRUZ/ILMD e FVS-AM</b>	<b>ASSUNTO: Caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no Estado do Amazonas.</b>
<b>DATA: 28/01/2021</b>	<b>OBJETIVO: monitoramento e caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do Amazonas, Brasil.</b>
<b>AMAZONAS</b>	



Distribuição de sexo e idade - P.1 N=60



35 Mulheres - IQR 33-56  
25 Homens - IQR 35-64

**Figura 8. Bairros de Manaus com amostras P.1 detectadas até 13/01/2021, N = 28.**  
Não há diferença significativa entre a idade dos pacientes do sexo masculino e feminino.

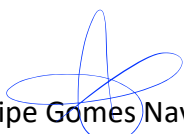


<b>NOTA TÉCNICA CONJUNTA Nº 09/FIOCRUZ/ILMD e FVS-AM</b>	<b>ASSUNTO: Caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no Estado do Amazonas.</b>
<b>DATA: 28/01/2021</b>	<b>OBJETIVO: monitoramento e caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no estado do Amazonas, Brasil.</b>
<b>AMAZONAS</b>	

**Conclusões e destaques da vigilância genômica do novo coronavírus no Amazonas, parceria Fiocruz – FVS-AM.**

- Obtenção e divulgação do primeiro genoma do SARS-CoV-2 da região norte do Brasil em março de 2020;
- Detecção de dois eventos de substituição de principais linhagens circulantes, B.1.195 para B.1.1.28 e depois para P.1;
- Confirmação da origem da nova variante (P.1) a partir da linhagem B.1.1.28 do Amazonas;
- Necessária conformação urgente sobre o desfecho dos casos infectados por P.1;
- Confirmação do segundo caso de reinfeção pelo SARS-CoV-2 no Brasil, o primeiro pela nova variante descrito no mundo;
- Identificação da circulação da variante P.1 em 11 municípios do Amazonas: Manaus, Rio Preto da Eva, Careiro, Anori, São Gabriel da Cachoeira, Iranduba, Rio Preto da Eva, Presidente Figueiredo, Tabatinga, Careiro, Manacapuru. Esse dado reforça que as ações de vigilância genômica devem sempre envolver amostras do interior do estado.
- Identificação de um aumento substancial na frequência da linhagem P.1 (51% das amostras de dezembro, para 91% das amostras sequenciadas até 13/01/2021). Cabe destacar que a linhagem P.1 foi encontrada pela primeira na amostra de um paciente coletada em 04/12/2020.
- Fortalecimento da Rede Genômica de Vigilância em Saúde do Estado do Amazonas, iniciativa fomentada pela FAPEAM;
- 250 genomas completos de alta qualidade gerados por amazonenses desde março de 2020, favorecendo o fortalecimento de uma cadeia local de C, T & I local para o enfrentamento de novos desafios.

Versão 2. Em 28/01/2021.

  
Felipe Gomes Naveca,  
Pesquisador em Saúde Pública da  
Fiocruz

Cristiano Fernandes da Costa,  
Diretor Presidente da Fundação de Vigilância em  
Saúde/AM, em Exercício