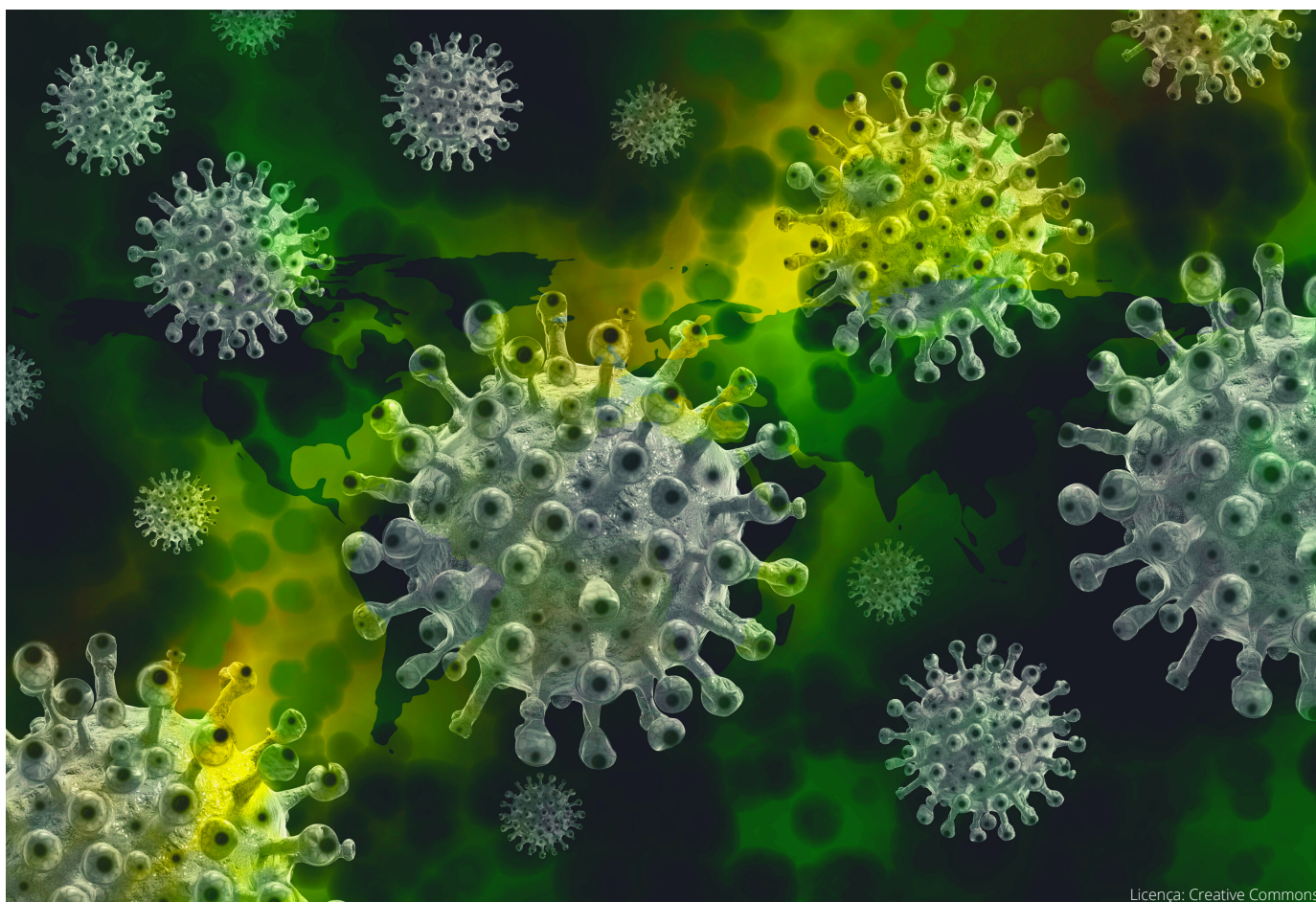


INSTITUTO ADOLFO LUTZ

SARS-COV-2

MONITORAMENTO

JUL 2021



Licença: Creative Commons

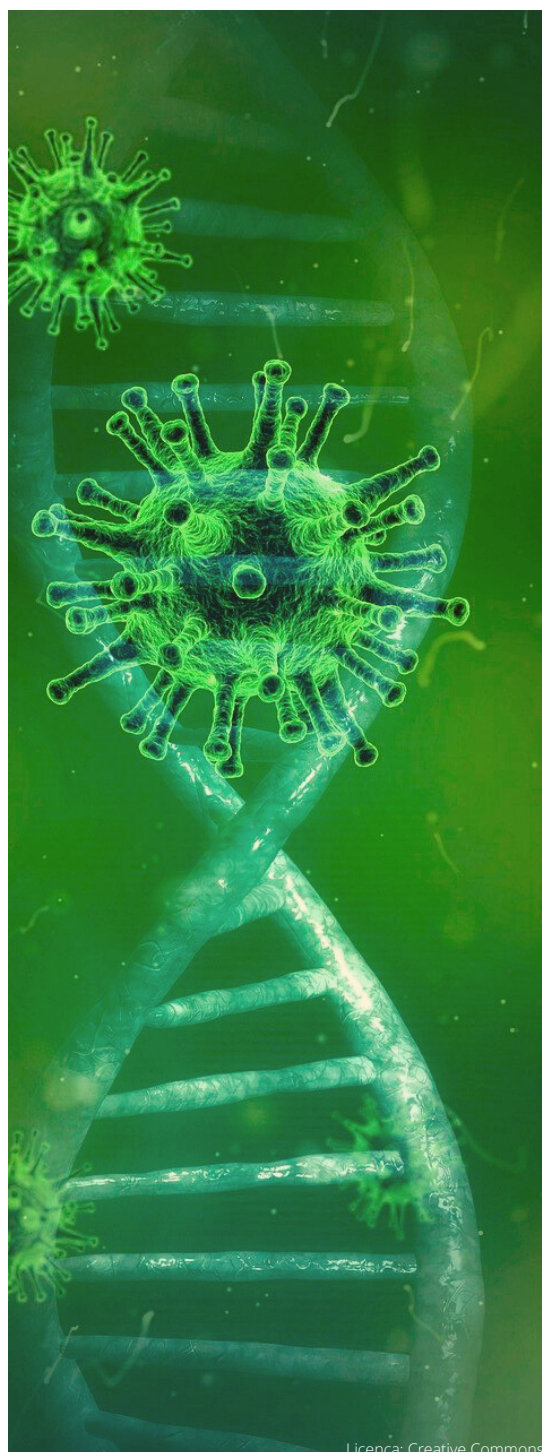


Secretaria da Saúde



O que estamos fazendo?

COPA AMERICA



Instituto Adolfo Lutz confirma casos de Variante de Interesse que surgiu na Colômbia na Copa America

O Instituto Adolfo Lutz, laboratório integrante da **Rede Nacional de Sequenciamento do Ministério da Saúde**, confirmou, no último sábado (10), dois casos da variante que emergiu na Colômbia e foi detectada no Equador, nos EUA, no Caribe e em alguns países da Europa, e ainda não havia sido encontrada no Brasil, em amostras provenientes de Cuiabá/MT, coletadas em indivíduos da equipe da Copa America. Além desses casos, foram sequenciadas outras dez amostras, todas contendo a Variante de Atenção Gamma (P.1).

A confirmação foi feita pelo **Laboratório Estratégico** do Instituto Adolfo Lutz, por meio do sequenciamento genético de amostras de SARS-CoV-2 enviadas pelo **Laboratório Central de Saúde Pública do Mato Grosso**, que procedeu alerta ao **National Influenza Center/Núcleo de Doenças Respiratórias** no Instituto, para que os casos fossem investigados.

Os vírus sequenciados são da **linhagem B.1.621** e possuem, entre outras, mutações nas posições 484 e 501 do gene que codifica a proteína *Spike*, que podem estar associadas a um maior potencial de transmissão e, por este motivo, é considerada, pela Organização Mundial de Saúde, uma **Variante de Interesse**.

Os pacientes são ambos do sexo masculino, têm 37 e 47 anos e são provenientes do Equador e da Colômbia, respectivamente. A investigação epidemiológica dos casos está em andamento no estado de origem das amostras.

A atuação dos órgãos oficiais de vigilância de maneira integrada, como a **Coordenação Geral de Laboratórios de Saúde Pública**, ligada à Secretaria de Vigilância em Saúde do Ministério da Saúde, assim como dos **Laboratórios Centrais de Saúde Pública**, além das vigilâncias epidemiológicas estaduais e municipais, é fundamental para que se detecte a introdução de novas variantes em território nacional, além de impedir sua propagação.

As sequências foram depositadas na *Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID)* - o maior banco para o compartilhamento dos dados de Influenza e outros vírus respiratórios -, sob os n°s de acesso EPI_ISL_2896232 e EPI_ISL_2896233, correspondem a 99,7% do genoma do SARS-CoV-2, possuem 98% das bases com no mínimo 500 leituras e cobertura média de 4.000 vezes.