



Ministério da Saúde  
Secretaria de Vigilância em Saúde  
Departamento de Imunização e Doenças Transmissíveis  
Coordenação-Geral do Programa Nacional de Imunizações

NOTA TÉCNICA Nº 1129/2021-CGPNI/DEIDT/SVS/MS

1. **ASSUNTO**

1.1. Orientações para a vigilância em saúde, no que se refere aos aspectos epidemiológicos e laboratoriais da vigilância genômica da covid-19, acerca de:

- a) Métodos diagnósticos utilizados na vigilância laboratorial de infecções de SARS-CoV-2 por VOC, VOI ou VA;
- b) Definições de casos confirmados, prováveis, sugestivos e descartados de covid-19 por VOC, VOI ou VA; bem como de casos importados e autóctones; e transmissão esporádica e comunitária;
- c) Processo de notificação, investigação e encerramento de casos de covid-19 por VOC, VOI ou VA;
- d) Processo de seleção de amostras para sequenciamento genômico completo, sequenciamento genômico parcial ou RT-PCR de inferência.

2. **CONTEXTUALIZAÇÃO**

2.1. O vírus SARS-CoV-2, assim como outros vírus, sofre mutações genéticas à medida que se replica. Mutações específicas podem gerar novas linhagens ou variantes genéticas do vírus em circulação, com diferentes graus de importância para saúde pública.

2.2. De acordo com o risco apresentado à saúde pública, estas variantes podem ser classificadas como Variantes de Preocupação (VOC – do inglês *variant of concern*), Variantes de Interesse (VOI - do inglês *variant of interest*) ou Variantes de Alerta (VA). A Organização Mundial da Saúde (OMS) define<sup>1</sup>:

I - **Variantes de preocupação (VOC):** uma variante do vírus SARS-CoV-2 que atende à definição de VOI (ver abaixo) e, por meio de uma avaliação comparativa, demonstra estar associada a uma ou mais das seguintes alterações em um grau de significância para a saúde pública global: I) aumento da transmissibilidade ou alteração prejudicial na epidemiologia da covid-19; OU II) aumento da virulência ou mudança na apresentação clínica da doença; OU III) Diminuição da eficácia das medidas sociais e de saúde pública, diagnóstico, vacinas e/ou tratamentos disponíveis.

**OBSERVAÇÃO:** A fim de incorporar a melhor tradução do termo em inglês *Variant of concern*, anteriormente traduzido como Variante de Atenção, a SVS passará a adotar o termo  Variante de Preocupação  a partir da publicação desta Nota Técnica.

II - **Variantes de interesse (VOI):** uma variante do vírus SARS-CoV-2 que possui alterações genéticas que são previstas ou conhecidas por alterar características do vírus, como transmissibilidade, gravidade da doença, escape imunológico, escape diagnóstico ou terapêutico; E que causa transmissão comunitária significativa ou múltiplos *clusters* de casos de covid-19, em vários países, com prevalência relativa crescente juntamente com o aumento do número de casos ao longo do tempo, ou outros impactos epidemiológicos aparentes que sugerem um risco emergente para a saúde pública global.

III - **Variantes de alerta (VA):** uma variante do vírus SARS-CoV-2 que possui alterações genéticas suspeitas de afetar as características do vírus com alguma indicação de que pode representar um risco futuro, sem evidência de impacto fenotípico ou epidemiológico claro no momento, exigindo monitoramento até novas evidências.

2.3. As autoridades nacionais, especialistas no assunto, ao identificarem as VOC, VOI ou VA são incentivados a investigar e relatar os impactos dessas variantes. Assim, a contínua vigilância das VOC, VOI ou VA tem sido realizada em diversos países<sup>2,3</sup>, inclusive no Brasil. Monitora-se principalmente o surgimento e desenvolvimento de variantes que podem alterar as características da doença, da transmissão do vírus, do impacto da vacina, do protocolo terapêutico, dos testes diagnósticos ou da eficácia das medidas de saúde pública aplicadas para controlar a propagação da covid-19.

2.4. Até 06 de setembro de 2021, quatro principais VOC estão em circulação no mundo<sup>1,2</sup>: *Alpha*, *Beta*, *Gamma* e *Delta* e suas respectivas sublinhagens. Essas quatro VOC já foram identificadas no Brasil, sendo a *Gamma* identificada em todas as UF; a *Delta* em 19 UF; a *Alpha* em 17 UF; e a *Beta* em 2 UF<sup>4</sup>. Em relação as VOI, cinco principais estão sob vigilância da OMS<sup>1,2</sup>: *Eta*; *Iota*; *Kappa*, *Lambda* e *Mu*.

2.5. Uma lista das VOC, VOI e VA em atual circulação no mundo se encontra no Anexo I (Quadros 3, 4 e 5), com informações sobre as linhagens, clados, primeiras amostras documentadas e data de designação de cada uma. A OMS mantém esta lista constantemente atualizada, que pode ser acessada no endereço <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>.

2.6. Destaca-se que uma VOC, VOI ou VA pode ser reclassificada, caso se tenha demonstrado conclusivamente que houve elevação ou redução do risco para a saúde pública mundial, em comparação com outras variantes de SARS-Cov-2 em circulação, a partir dos critérios estabelecidos pela OMS.

2.7. A partir do aumento da disponibilidade de sequenciamento genômico, a tendência é se observar o aumento das notificações de VOC, VOI e VA no país. Contudo, ainda há diferenças regionais na capacidade, nas estratégias de amostragem e nos métodos de sequenciamento genômico do vírus. Portanto, até o momento, as notificações de VOC, VOI e VA devem ser interpretadas com cautela<sup>3</sup>, principalmente no que se refere às conclusões acerca da proporção de casos, pois para isso, é necessário conhecer o tipo e a representatividade da amostragem. Por exemplo, quando os métodos de sequenciamento genômico parcial ou RT-PCR de inferência são utilizados para triagem das amostras para o sequenciamento genômico completo, espera-se que a proporção de VOC sequenciada seja maior do que a de outras variantes. Contudo, esta não é uma amostragem aleatória e representativa da proporção de casos.

2.8. Neste cenário de vigilância mundial das VOC, VOI e VA e considerando os diferentes métodos laboratoriais que podem ser adotados pelos estados brasileiros na identificação dessas variantes, se faz necessário o estabelecimento de critérios nacionais - de forma a obtermos uma vigilância genômica com ações padronizadas, sistematizadas, regulamentadas e frequentemente revistas sob a luz da saúde pública no Brasil.

3. **MÉTODOS LABORATORIAIS UTILIZADOS NA VIGILÂNCIA GENÔMICA**

3.1. **Sequenciamento genômico completo**

O sequenciamento genômico completo é considerado o **padrão ouro** para a definição das linhagens e variantes de SARS-CoV-2, pois contempla o genoma viral inteiro, permitindo a identificação de todas as mutações que assinam as linhagens e ainda possibilita realizar a reconstrução filogenética, podendo dar suporte a vigilância epidemiológica na definição da origem do surto.

**Qualquer linhagem definida por sequenciamento completo é classificada como CASO CONFIRMADO.**

**ATENÇÃO:** Os relatórios técnicos do laboratório devem conter a linhagem definida pelo sistema de classificação PangoLineage e recomenda-se fortemente a submissão do genoma na base de dados EpiCoV do GISAID (<https://www.gisaid.org/>).

### 3.2. Sequenciamento genômico parcial

3.3. O sequenciamento parcial, como o realizado pela metodologia de Sanger, pode ser realizado pela amplificação de genes específicos do vírus SARS-CoV-2, como da proteína Spike. Esse alvo deve conter algumas das assinaturas principais característica das linhagens. Essa metodologia de sequenciamento parcial nos permite inferir uma provável linhagem viral. Portanto, diferentemente do sequenciamento completo, não contempla o genoma viral inteiro e por isso, até o momento, não pode ser considerado como confirmatório. As análises ficam restritas ao fragmento sequenciado.

3.4. **Qualquer linhagem definida por sequenciamento parcial é classificada como CASO PROVÁVEL por critério laboratorial.**

**ATENÇÃO:** Nos relatórios técnicos do laboratório deve-se informar as mutações encontradas que caracterizam a provável linhagem.

### 3.5. RT-PCR em tempo real de inferência

(com alvos específicos característicos de algumas linhagens)

3.6. Foram desenvolvidos alguns protocolos de RT-PCR em tempo real para inferência de linhagens através da detecção da presença ou ausência de mutações pontuais características de algumas linhagens de SARS-CoV-2 - como as VOC.

3.7. Por se tratar de uma metodologia direcionada a alvos pontuais do genoma, a interpretação deve ser feita com cautela, levando em consideração sempre a situação epidemiológica da região geográfica e do paciente. Existem vários protocolos disponíveis para a triagem de linhagens de SARS-CoV-2. Reforça-se que a interpretação deve levar em consideração a convergência evolutiva de algumas mutações em linhagens distintas.

3.8. **Qualquer linhagem sugerida por esse tipo de protocolo será classificada como CASO SUGESTIVO por critério laboratorial.**

**ATENÇÃO:** Nos relatórios técnicos do laboratório deve-se informar os protocolos, os alvos avaliados e a presença ou ausência destes alvos, uma vez que já há vários testes no mercado e cada um utiliza uma metodologia.

## 4. VIGILÂNCIA GENÔMICA NO CONTEXTO DA VIGILÂNCIA EPIDEMIOLÓGICA

### 4.1. Objetivos

4.2. Levando em consideração que as VOC, VOI e VA tem potencial para alterar as características da doença, da transmissão do vírus, do impacto das vacinas, do protocolo terapêutico, dos testes diagnósticos ou da eficácia das medidas de saúde pública aplicadas para controlar a propagação da covid-19, a vigilância epidemiológica dessas variantes é essencial para auxiliar na contenção da transmissão, bem como apoiar no conhecimento da dinâmica da doença.

4.3. No contexto atual, os objetivos da vigilância epidemiológica das variantes do vírus SARS-CoV-2 no Brasil são:

- Planejar o processo de seleção representativa das amostras a serem sequenciadas por Unidade Federada, de forma que permita a detecção precoce e monitoramento dos casos de VOC, VOI ou VA
- Identificar oportunamente a circulação de VOC, VOI ou VA na população
- Utilizar os resultados do sequenciamento genômico completo, parcial ou RT-PCR de inferência para investigar os casos e seus contatos, definindo a origem e tipo de transmissão da VOC, VOI ou VA naquela localidade
- Propor medidas de isolamento dos casos com VOC, VOI ou VA e quarentena dos seus contatos, de modo a evitar a disseminação dessas novas variantes naquela localidade
- Descrever os casos e auxiliar no entendimento da dinâmica epidemiológica das VOC, VOI ou VA em relação às outras variantes em circulação, incluindo características como: taxa de ataque, taxa de transmissão secundária, prevalência, incidência, morbidade, mortalidade e outros parâmetros que indiquem alteração na dinâmica da doença.
- Propor medidas de decisão para o controle da covid-19, baseadas nos resultados das investigações epidemiológicas de casos de VOC, VOI ou VA
- Alertar a população acerca dos riscos das VOC, VOI ou VA e as medidas de prevenção e controle
- Comunicar à população os locais com circulação de VOC, VOI ou VA e recomendar que se evitem todas as viagens não essenciais

### 4.4. Definições

4.5. Tendo em vista os diferentes protocolos de caracterização viral realizados no país e o que cada um identifica, faz-se necessário vincular o resultado dos mesmos com a vigilância epidemiológica.

4.6. Em 28 de julho de 2021, a Secretaria de Vigilância em Saúde (SVS) do Ministério da Saúde (MS) convidou especialistas que trabalham nos Laboratórios de Referência Nacional e Regionais (LRN e LRR) para diagnóstico de vírus respiratórios (Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Evandro Chagas e Instituto Adolfo Lutz) para uma reunião técnica com epidemiologistas das principais Secretarias Estaduais de Saúde que estão tendo casos de VOC *Delta* (Paraná, Rio de Janeiro, Rio Grande do Sul, São Paulo). Participaram também o corpo técnico da SVS/MS e da Organização Pan-Americana da Saúde, escritório do Brasil. Com base na discussão desse grupo e de nova reunião com o LRN, foram elaboradas orientações para a vigilância epidemiológica e vigilância laboratorial, a saber:

#### 4.6.1. Classificação de acordo com o método laboratorial e o vínculo epidemiológico:

- **Definição de CASO CONFIRMADO de covid-19 por VOC, VOI ou VA:**
  - **Somente por critério laboratorial:** Caso confirmado de infecção por SARS-CoV-2 (positivo no RT-PCR ou no teste de antígeno) com posterior sequenciamento genômico completo do vírus que identifique as assinaturas genômicas das VOC, VOI ou VA.
- **Definição de CASO PROVÁVEL de covid-19 por VOC, VOI ou VA:**

- **Somente por critério laboratorial:** Caso confirmado de infecção por SARS-CoV-2 (positivo no RT-PCR ou no teste de antígeno) que realizou apenas o sequenciamento parcial do genoma de SARS-CoV-2 permitindo a identificação de algumas das assinaturas genômicas das VOC, VOI ou VA.
  
- **Definição de CASO SUGESTIVO de covid-19 por VOC, VOI ou VA:**
  - **Por critério laboratorial:** Caso confirmado de infecção por SARS-CoV-2 (positivo no RT-PCR ou no teste de antígeno) que realizou apenas o RT-PCR de inferência de linhagens, identificando **mutações sugestivas** de VOC, VOI ou VA.
  - **Por critério epidemiológico:** Caso confirmado de infecção por SARS-CoV-2 (positivo no RT-PCR ou no teste de antígeno) E contactante (primário, secundário, terciário ou mais) de pelo menos um caso confirmado, provável ou sugestivo por critério laboratorial de covid-19 por VOC, VOI ou VA, desde que seja identificada a cadeia de transmissão.
  
- **Definição de CASO DESCARTADO de covid-19 por VOC, VOI ou VA:** Caso confirmado de infecção por SARS-CoV-2 (positivo no RT-PCR ou no teste de antígeno) com posterior sequenciamento genômico completo do vírus **ou** sequenciamento parcial **ou** RT-PCR de inferência que não identifiquem VOC, VOI ou VA.

**Quadro 1.** Classificação, critérios, métodos laboratoriais e definições de casos de covid-19 por VOC, VOI ou VA.

CASO	CRITÉRIO	MÉTODO LABORATORIAL	DEFINIÇÃO (para notificação e encerramento)
Caso <b>CONFIRMADO</b> de VOC, VOI ou VA.	Somente laboratorial	SEQUENCIAMENTO GENÔMICO COMPLETO:  O resultado identifica a exata VOC, VOI ou VA. Portanto, é considerado o padrão-ouro de diagnóstico.	Caso confirmado de infecção por SARS-CoV-2 (positivo no RT-PCR ou no teste de antígeno) que realizou o sequenciamento genômico completo, identificando a VOC, VOI ou VA.
Caso <b>PROVÁVEL</b> de VOC, VOI ou VA.	Somente laboratorial	SEQUENCIAMENTO GENÔMICO PARCIAL:  O resultado permite a identificação de algumas assinaturas genômicas das VOC, VOI ou VA <sup>a, c</sup> .	Caso confirmado de infecção por SARS-CoV-2 (positivo no RT-PCR ou no teste de antígeno) que realizou apenas o sequenciamento genômico parcial, identificando assinaturas genômicas da VOC, VOI ou VA.
Caso <b>SUGESTIVO</b> de VOC, VOI ou VA.	Laboratorial	RT-PCR DE INFERÊNCIA:  O resultado identifica <b>mutações sugestivas</b> de VOC, VOI ou VA <sup>b, c</sup> .	Caso confirmado de infecção por SARS-CoV-2 (positivo no RT-PCR ou no teste de antígeno) que realizou apenas o RT-PCR de inferência, identificando mutações sugestivas da VOC, VOI ou VA.
	Epidemiológico	---	Caso confirmado de infecção por SARS-CoV-2 (positivo no RT-PCR ou no teste de antígeno) e contactante (primário, secundário, terciário ou mais) de pelo menos um caso confirmado, provável ou sugestivo por critério laboratorial de covid-19 por VOC, VOI ou VA, desde que seja identificada a cadeia de transmissão.
Caso <b>DESCARTADO</b> de VOC, VOI ou VA.	---	SEQUENCIAMENTO GENÔMICO COMPLETO, SEQUENCIAMENTO GENÔMICO PARCIAL OU RT-PCR DE INFERÊNCIA:  O resultado não identifica assinaturas genômicas ou mutações sugestivas de VOC, VOI ou VA.	Caso confirmado de infecção por SARS-CoV-2 (positivo no RT-PCR ou no teste de antígeno) que realizou o sequenciamento genômico completo do vírus ou o sequenciamento genômico parcial ou o RT-PCR de inferência, não identificando assinaturas genômicas ou mutações sugestivas da VOC, VOI ou VA.

Fonte: GT-Covid-19, Influenza e Outros Vírus Respiratórios/CGPNI/DEIDT/SVS/MS.

<sup>a</sup> A vigilância epidemiológica precisa avaliar o laudo do laboratório e identificar as mutações encontradas que caracterizam a provável linhagem.

<sup>b</sup> A vigilância epidemiológica precisa avaliar o laudo do laboratório e identificar os alvos avaliados e a presença ou ausência destes alvos. No contexto epidemiológico atual, caso o resultado seja sugestivo de VOC, verificar para qual variante - *Alpha*, *Beta* ou *Gamma*. Se não for sugestivo destas, é considerado sugestivo da variante *Delta*.

<sup>c</sup> A depender da situação epidemiológica do município, será necessário enviar a amostra para sequenciamento genômico completo. Ver informações detalhadas nos itens 4.4 (Figura 1) e 4.5 (Quadro 2).

#### 4.6.2. Classificação de acordo com a origem da infecção:

- **Definição de CASO IMPORTADO de covid-19 por VOC, VOI ou VA:** Caso confirmado, provável ou sugestivo de covid-19 por VOC, VOI ou VA, com origem em outro município/estado/país, ou seja, diferente daquele onde foi notificado<sup>5,6</sup>.
- **Definição de CASO AUTÓCTONE de covid-19 por VOC, VOI ou VA:** Caso confirmado, provável ou sugestivo de covid-19 por VOC, VOI ou VA com origem no próprio município/estado/país, ou seja, na mesma localidade onde foi notificado<sup>5</sup>.

#### 4.6.3. Classificação de acordo com o padrão de transmissão:

- **Definição de TRANSMISSÃO ESPORÁDICA de covid-19 por VOC, VOI ou VA:** Quando há presença de casos autóctones de covid-19 por VOC, VOI ou VA, que possuem ou não vínculo epidemiológico com caso importado da mesma variante<sup>6,7</sup>, porém essa transmissão não é sustentada, ou seja, o município não apresenta posterior aumento desses casos<sup>5,7</sup>. Essa definição se aplica a casos isolados ou aglomerados.
  - Aglomerados de casos podem ser definidos como um conjunto de casos que se relacionam por tempo, localização geográfica e exposições comuns. Podem ou não ter vínculo com casos importados.
- **Definição de TRANSMISSÃO COMUNITÁRIA de covid-19 por VOC, VOI ou VA:** Quando há presença de casos autóctones de covid-19 por VOC, VOI ou VA e, após investigação epidemiológica, não é possível identificar a cadeia de transmissão e o vínculo com um caso importado ou aglomerado de casos da mesma variante. Observa-se posterior aumento desses casos ao longo do tempo<sup>6,7</sup>.

#### 4.7. Notificação

4.8. Conforme a Lista Nacional de Notificação Compulsória de doenças, agravos e eventos de saúde pública nos serviços de saúde públicos e privados em todo o território nacional, publicada na Portaria MS/GM Nº 1.061, de 18 de Maio de 2020<sup>8</sup> - Anexo I, item 16, Evento de Saúde Pública (ESP) que se constitua ameaça à saúde pública, é necessário **notificar todos os casos confirmados, prováveis ou sugestivos de VOC, VOI ou VA, de forma imediata**, para o Ministério da Saúde, Secretaria Estadual de Saúde e/ou Secretaria Municipal de Saúde.

*"Evento de saúde pública (ESP): situação que pode constituir potencial ameaça à saúde pública, como a ocorrência de surto ou epidemia, doença ou agravo de causa desconhecida, alteração no padrão clínico-epidemiológico das doenças conhecidas, considerando o potencial de disseminação, a magnitude, a gravidade, a severidade, a transcendência e a vulnerabilidade, bem como epizootias ou agravos decorrentes de desastres ou acidentes"*<sup>9</sup>

4.9. A notificação compulsória é a comunicação obrigatória à autoridade de saúde, realizada pelos médicos, profissionais de saúde ou responsáveis pelos estabelecimentos de saúde, públicos ou privados, sobre a ocorrência de suspeita ou confirmação de doença, agravo ou evento de saúde pública. Dessa forma, qualquer laboratório público ou privado deve notificar os resultados de VOC, VOI ou VA à Secretaria Municipal de Saúde de forma imediata, ou seja, em até 24 (vinte e quatro) horas, a partir do conhecimento da ocorrência de doença, agravo ou evento de saúde pública, pelo meio de comunicação mais rápida disponível.

4.10. Tendo em vista que os sistemas nacionais vigentes de notificação de casos de covid-19 e-SUS Notifica e Sistema de Informação de Vigilância da Gripe (SIVEP-Gripe) ainda não contêm as variáveis relativas às VOC, VOI e VA, faz-se necessário que as Secretarias Estaduais de Saúde notifiquem os casos confirmados, prováveis ou sugestivos ao Grupo Técnico de Vigilância Epidemiológica da covid-19, Influenza e outros vírus respiratórios, da Coordenação Geral do Programa Nacional de Imunizações, por meio do envio diário da planilha detalhada e padronizada, para o e-mail [gripe@saude.gov.br](mailto:gripe@saude.gov.br).

#### 4.10.1. Orientações sobre a tabela resumo

4.11. Considerando a necessidade da notificação imediata dos casos confirmados, prováveis ou sugestivos de VOC, VOI ou VA informados pelos laboratórios, faz-se necessário liberar diariamente a tabela resumo para fins de organização e conferência dos dados. Para isso, orienta-se utilizar as definições de caso apresentadas no item 4.2.1 e Quadro 1. A nova tabela resumo encontra-se na Tabela 1.

**Tabela 1.** Tabela resumo de casos de covid-19 por VOC, VOI ou VA, a ser utilizada a partir da data de publicação desta Nota Técnica.

Nº de Ordem	Unidade Federada (UF)	CASOS CONFIRMADOS		CASOS PROVÁVEIS		CASOS SUGESTIVOS			
		Critério laboratorial (Sequenciamento genômico completo)		Critério laboratorial (Sequenciamento genômico parcial)		Critério laboratorial (RT-PCR de inferência)		Critério epidemiológico	
		Nº de casos confirmados	Nº de óbitos confirmados	Nº de casos prováveis	Nº de óbitos prováveis	Nº de casos sugestivos	Nº de óbitos sugestivos	Nº de casos sugestivos	Nº de óbitos sugestivos
1	XX								
2	XX								
3	XX								
4	XX								
5	XX								
6	XX								
7	XX								
8	XX								
9	XX								
10	XX								
Total									

Fonte: GT-Covid-19, Influenza e Outros Vírus Respiratórios/CGPNI/DEIDT/SVS/MS.

#### 4.11.1. Orientações sobre a planilha detalhada

4.12. Considerando a necessidade da notificação imediata dos casos confirmados, prováveis ou sugestivos de VOC, VOI ou VA informados pelos laboratórios; e das inúmeras variáveis da planilha de dados detalhada enviada às secretarias estaduais de saúde, orienta-se:

- Para cada caso confirmado, provável ou sugestivo de VOC, VOI ou VA que a SES tiver conhecimento, **no primeiro momento preencher parcialmente** as informações de cada resultado na planilha de casos, digitando apenas as informações existentes que chegaram com o laudo do laboratório e as informações sobre o resultado do sequenciamento genômico completo, parcial ou RT-PCR de inferência, conforme as seguintes orientações (exemplificadas no Anexo II):
  - a. Na coluna E (“DATA NOTIFICAÇÃO PARA SVS/MS”), digitar a data de notificação para a SVS/MS
  - b. Digitar todos os dados presentes no laudo do laboratório nas colunas correspondentes
  - c. Se não houver os dados de identificação no laudo do laboratório, na coluna G (“NOME COMPLETO”), digitar os dizeres ‘SEM NOME’
  - d. Na coluna R (“CLASSIFICAÇÃO DA VARIANTE”), selecionar ‘VOC’, ‘VOI’ ou ‘VA’
  - e. Na coluna S (“NOMENCLATURA OMS DA VOC, VOI OU VA”), digitar o nome da variante (*Alpha, Beta, Gamma, Delta*, etc)
  - f. Na coluna T (“MÉTODO LABORATORIAL MAIS RECENTE”), selecionar ‘sequenciamento completo’, ‘sequenciamento parcial’ ou ‘RT-PCR de inferência’
  - g. Quando o resultado for de sequenciamento genômico completo:
    - i. Na coluna W (“RESULTADO DO SEQUENCIAMENTO COMPLETO”), digitar a linhagem da VOC, VOI ou VA
    - ii. Na coluna X (“LABORATÓRIO QUE FEZ O SEQUENCIAMENTO COMPLETO”), digitar o nome do mesmo
    - iii. Na coluna Y (“DATA DO RESULTADO DO SEQUENCIAMENTO COMPLETO”), digitar a data
  - h. Quando o resultado for de sequenciamento genômico parcial:
    - i. Na coluna Z (“RESULTADO DO SEQUENCIAMENTO PARCIAL”), digitar a linhagem
    - ii. Na coluna AA (“LABORATÓRIO QUE FEZ O SEQUENCIAMENTO PARCIAL”), digitar o nome do mesmo
    - iii. Na coluna AB (“DATA DO RESULTADO DO SEQUENCIAMENTO PARCIAL”), digitar a data
  - i. Quando o resultado for de RT-PCR de inferência:
    - i. Na coluna AF (“RESULTADO DO RT-PCR DE INFERÊNCIA”), digitar o nome da VOC, VOI ou VA, ou o código da linhagem
    - ii. Na coluna AG (“LABORATÓRIO QUE FEZ O RT-PCR DE INFERÊNCIA”), digitar o nome do mesmo
    - iii. Na coluna AH (“DATA DO RESULTADO DO SEQUENCIAMENTO PARCIAL”), digitar a data
  - j. Na coluna CB (“INVESTIGAÇÃO EPIDEMIOLÓGICA”), selecionar ‘em andamento’ ou ‘finalizada’
  - k. Na coluna CJ (“CLASSIFICAÇÃO FINAL”):
    - i. Quando for sequenciamento completo, selecionar a opção ‘confirmado’
    - ii. Quando for sequenciamento parcial, selecionar preliminarmente a opção ‘provável’, podendo posteriormente, quando chegar o resultado do sequenciamento completo, alterar para ‘confirmado’ ou ‘descartado’
    - iii. Quando for RT-PCR de inferência, selecionar preliminarmente a opção ‘sugestivo’, podendo posteriormente, quando chegar o resultado do sequenciamento completo, alterar para ‘confirmado’ ou ‘descartado’
- Após o momento da notificação imediata, orienta-se que a SES realize a investigação do caso buscando:
  - a. Dados secundários nos sistemas GAL (Gerenciador de Ambiente Laboratorial), eSUS-Notifica, SIVEP\_Gripe, SI-PNI (Sistema de Informação do Programa Nacional de Imunizações) e SIM (Sistema de Informações sobre Mortalidade).
  - b. Dados primários diretamente com o caso ou contatos, a fim de investigar:
    - i. Na coluna CC (“ORIGEM DO CASO”), definir se é um caso importado ou autóctone. Há também a possibilidade de deixar como ‘em investigação’
    - ii. Se o caso for importado, preencher os dados da coluna CD até CF, informando o país da contaminação, data da saída do país e chegada ao Brasil
    - iii. Se o caso for autóctone, na coluna CG (“TIPO DE TRANSMISSÃO NO MUNICÍPIO”), selecionar: ‘transmissão esporádica’ ou ‘transmissão comunitária’
- Investigação dos contatos:
  - a. Os primeiros casos de cada município precisam ter os seus contatos investigados e avaliada a cadeia de transmissão, a fim de auxiliar na conclusão do tipo de transmissão naquele local.
  - b. A partir do momento em que há a confirmação epidemiológica de que o caso é autóctone e a transmissão deixou de ser esporádica e se elevou para transmissão comunitária, torna-se opcional a investigação do caso com dados primários e dos contatos. **Mantem-se a necessidade de investigar os dados secundários nos sistemas de informação.**
- Com o decorrer da investigação epidemiológica, preencher retrospectivamente os dados faltantes dos casos que já foram notificados.
- Ao fim da investigação:
  - a. Na coluna CB (“INVESTIGAÇÃO EPIDEMIOLÓGICA”) alterar para a opção ‘finalizada’.

**ATENÇÃO:** Após transmissão comunitária assumida no município e/ou estado, a notificação dos casos de covid-19 por VOC, VOI ou VA pode ser realizada apenas por meio da tabela resumo (Tabela 1). A investigação de casos e monitoramento de contatos podem seguir os critérios epidemiológicos já estabelecidos no Guia de Vigilância Epidemiológica da Covid-19<sup>10,11</sup>, e descritos no item 5.

#### 4.12.1. Confidencialidade

4.13. Ressalta-se que o preenchimento e envio da planilha detalhada de casos são de caráter temporário, até que os sistemas sejam atualizados para a inserção das informações relativas às VOC, VOI e VA. A planilha referida é de acesso EXCLUSIVO das secretarias estaduais de saúde e do Ministério da Saúde. Além disso, por conterem informações confidenciais e sigilosas, estão protegidas pela Lei Geral de Proteção de Dados Pessoais (LGPD).

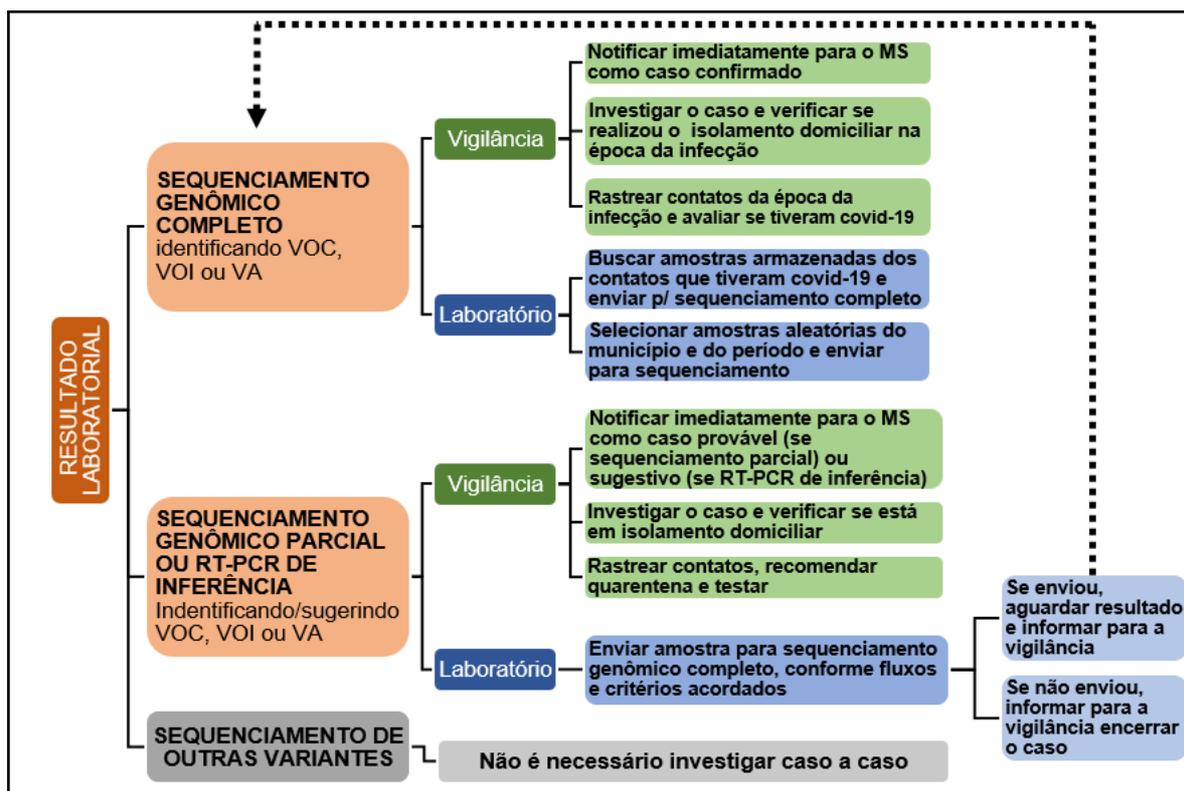
#### 4.14. Orientações sobre as ações das equipes de vigilância e laboratório a partir dos resultados laboratoriais

4.15. Todo o caso confirmado, provável ou sugestivo de covid-19 por VOC, VOI ou VA requer que ações sejam tomadas, tanto pelas equipes de vigilância quanto pelas equipes laboratoriais, que devem manter constante comunicação para que a devida vigilância genômica da covid-19 seja possível, conforme as

seguintes orientações (exemplificadas na Figura 1):

- **Ações a partir do resultado do sequenciamento genômico completo, identificando VOC, VOI ou VA:**
  - a. A equipe de vigilância deve:
    - i. Notificar imediatamente o MS, como um caso confirmado de covid-19 por VOC, VOI ou VA;
    - ii. Iniciar a investigação epidemiológica do caso, verificando se foi realizado isolamento domiciliar na época da infecção;
    - iii. Realizar o rastreamento de contatos da época da infecção, avaliando se os mesmos foram testados positivos para covid-19;
    - iv. Informar os laboratórios sobre os contatos dos quais a busca de amostras é necessária
  - b. A equipe laboratorial deve:
    - i. Buscar amostras armazenadas dos contatos informados pela equipe de vigilância;
    - ii. Selecionar amostras aleatórias do município e do período a serem enviadas para sequenciamento genômico completo
- **Ações a partir do resultado do sequenciamento genômico parcial indicando VOC, VOI ou VA ou RT-PCR de inferência sugestivo de VOC, VOI ou VA:**
  - a. A equipe de vigilância deve:
    - i. Notificar imediatamente o MS, como um caso provável (se sequenciamento parcial) ou caso sugestivo (se RT-PCR de inferência) de covid-19 por VOC, VOI ou VA;
    - ii. Iniciar a investigação epidemiológica do caso, verificando se está em isolamento domiciliar;
    - iii. Realizar o rastreamento de contatos, recomendando quarentena e realizando testagem para covid-19. Essa ação é extremamente importante, pois é a medida preventiva para evitar a disseminação de casos de covid-19 por VOC, VOI ou VA.
  - b. A equipe laboratorial deve:
    - i. Enviar amostras para o sequenciamento genômico completo, de acordo com os fluxos e critérios previamente acordados com a equipe de vigilância;
    - ii. Caso a amostra seja enviada para o sequenciamento genômico completo, aguardar resultado e informar a equipe de vigilância; seguindo as ações do tópico 6.4.1
    - iii. Caso a amostra não seja enviada para o sequenciamento genômico completo, informar a equipe de vigilância para que o caso seja encerrado
- **Ações a partir de resultado laboratorial que não identifique ou não seja sugestivo de VOC, VOI ou VA:**
  - a. Não é necessário investigação caso a caso

Figura 1. Fluxo de ações da vigilância epidemiológica e laboratorial a partir dos resultados de casos de covid-19 por VOC, VOI ou VA



Fonte: GT-Covid-19, Influenza e Outros Vírus Respiratórios/CGPNI/DEIDT/SVS/MS.

#### 4.16. Orientações para o município ou Unidade Federada assumir casos

4.17. Devido às características dos diferentes métodos laboratoriais da vigilância genômica, é necessário que eles sejam analisados no contexto epidemiológico do município/Unidade Federada. **Orienta-se que somente assuma-se caso de covid-19 por VOC, VOI ou VA, tendo o resultado de pelo menos um (1) sequenciamento genômico completo confirmando a variante.**

4.18. **Nos primeiros resultados** de um município (transmissão esporádica), se o método for sequenciamento genômico parcial ou RT-PCR de inferência, **é imprescindível encaminhar amostras para sequenciamento genômico completo.**

**ATENÇÃO:** Somente após o município constatar transmissão esporádica ou comunitária, com pelo menos um caso confirmado (pelo sequenciamento genômico

completo), os resultados de sequenciamento genômico parcial ou de RT-PCR de inferência são suficientes para assumir casos prováveis ou sugestivos da VOC, VOI ou VA (Quadro 2).

**Quadro 2.** Orientações para o município/Unidade Federada assumir casos de covid-19 por VOC, VOI ou VA, levando em consideração os resultados laboratoriais.

RESULTADO LABORATORIAL	NENHUM SEQUENCIAMENTO GENÔMICO COMPLETO ANTERIOR identificando VOC, VOI ou VA	PELO MENOS UM SEQUENCIAMENTO GENÔMICO COMPLETO ANTERIOR identificando VOC, VOI ou VA
SEQUENCIAMENTO GENÔMICO COMPLETO identificando VOC, VOI ou VA	Resultado permite assumir o caso como CONFIRMADO.	Resultado permite assumir o caso como CONFIRMADO.
SEQUENCIAMENTO GENÔMICO PARCIAL identificando VOC, VOI ou VA	Resultado <b>NÃO</b> permite assumir o caso como provável. <sup>a</sup>	Resultado permite assumir o caso como PROVÁVEL. <sup>b</sup>
RT-PCR DE INFERÊNCIA sugestivo de VOC, VOI ou VA	Resultado <b>NÃO</b> permite assumir o caso como sugestivo. <sup>a</sup>	Resultado permite assumir o caso como SUGESTIVO. <sup>b</sup>

Fonte: GT-Covid-19, Influenza e Outros Vírus Respiratórios/CGPNI/DEIDT/SVS/MS.

<sup>a</sup> Recomenda-se enviar 100% das amostras para a rotina do sequenciamento genômico completo (avaliar a possibilidade com o LACEN ou LRN)

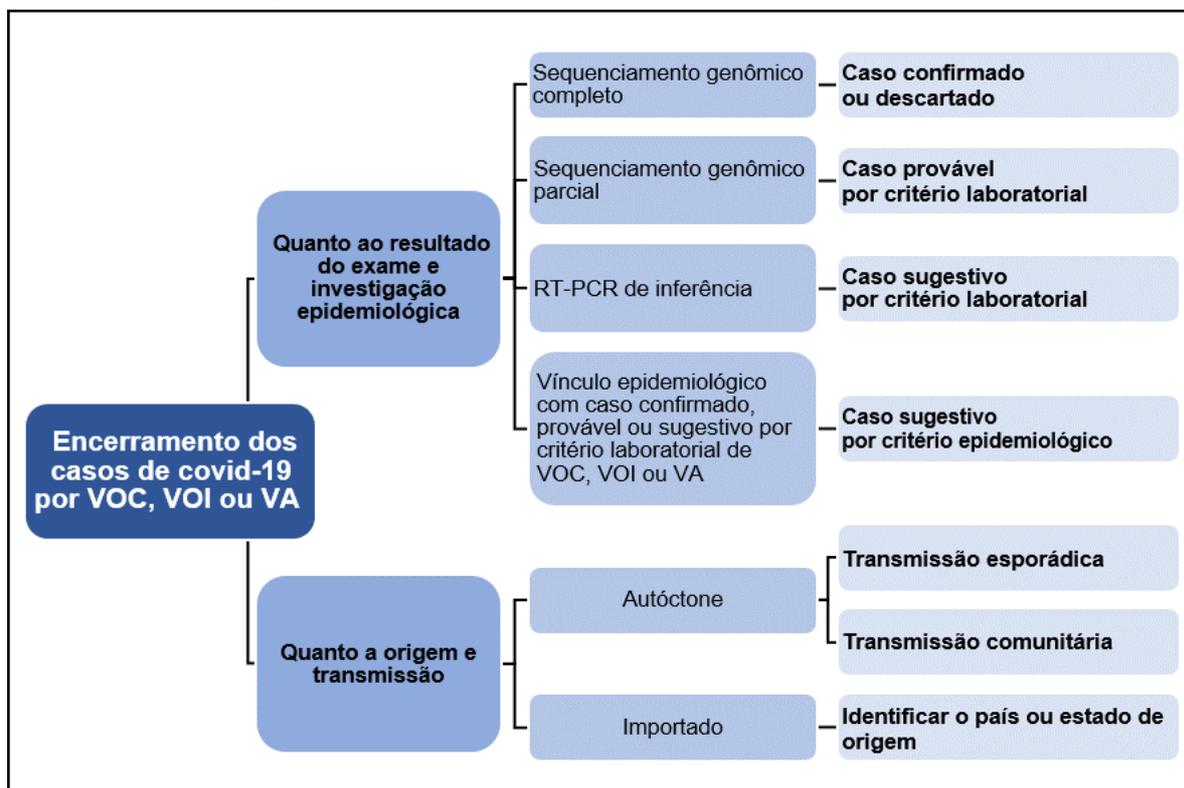
<sup>b</sup> Recomenda-se que uma proporção das amostras, representativa do município, continue sendo enviada para sequenciamento genômico completo, para fins da rotina da vigilância genômica.

#### 4.19. Orientações sobre o encerramento de casos

4.20. Considerando os resultados da investigação epidemiológica e dos exames de sequenciamento genômico completo, sequenciamento genômico parcial e RT-PCR de inferência, faz-se necessário encerrar cada caso notificado na planilha detalhada. Para isso, orienta-se utilizar as definições de caso apresentadas no item 4.1 (exemplificado na Figura 2).

**ATENÇÃO:** Todo caso de covid-19 por VOC, VOI ou VA notificado na planilha detalhada de dados precisa ser encerrado, em um prazo máximo de 60 dias.

**Figura 2.** Fluxo de encerramento dos casos de covid-19 por VOC, VOI ou VA



Fonte: GT-Covid-19, Influenza e Outros Vírus Respiratórios/CGPNI/DEIDT/SVS/MS.

## 5. VIGILÂNCIA GENÔMICA NO CONTEXTO DA VIGILÂNCIA LABORATORIAL

### 5.1. Critérios laboratoriais de seleção de amostras

#### 5.1.1. Seleção de amostras para sequenciamento genômico completo

5.2. Conforme critérios anteriormente descritos e previamente estabelecidos<sup>11</sup> no Ofício Nº119/2020/CGLAB/DAEVS/SVS/MS e Nota Técnica Nº 52/2020/CGPNI/DEIDT/SVS/MS<sup>12</sup>, as amostras de VOC, VOI ou VA devem ser selecionadas e encaminhadas para sequenciamento genômico completo à Rede de Laboratórios do Ministério da Saúde.

5.3. Para o sequenciamento, deverão ser selecionadas amostras positivas para SARS-CoV-2 que atendam o critério essencial e um dos critérios de elegibilidade (por prioridade), conforme documento da Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS<sup>10</sup>.

- **Critério essencial:**

- A amostra deve ter CT (*cycle threshold*) menor ou igual a 27 (preferencialmente o menor CT possível).

- **Critérios de elegibilidade (por prioridade):**

- Amostras de pacientes que evoluíram a óbito; ou
- Amostras de pacientes que tiveram sintomas graves da doença; ou
- Amostras de pacientes provenientes de áreas fronteiriças com outros países ou de áreas de circulação de VOC nos últimos 14 dias; ou
- Amostras de pacientes que tiveram sintomas leves da doença

Ressalta-se a importância de incluir amostras com perfil epidemiológico heterogêneo: diferentes faixas etárias, sexo e regiões de abrangência.

**ATENÇÃO:** Todas as amostras de suspeita de reinfeção, com o CT  $\leq 27$ , devem ser enviadas para sequenciamento, conforme NT Nº52/2020<sup>12</sup>.

#### 5.3.1. Seleção de amostras para o sequenciamento genômico parcial

5.4. A depender da disponibilidade do sequenciamento parcial no LACEN, pode-se realizar inicialmente esse sequenciamento e enviar as amostras sugestivas de VOC, VOI ou VA para sequenciamento genômico completo. Assim, usar os mesmos critérios descritos para o sequenciamento completo.

#### 5.4.1. Seleção de amostras para o RT-PCR de inferência

5.5. O kit para realização do protocolo RT-PCR *in house* ou RT-PCR de inferência é o desenvolvido pelo pesquisador Prof. Dr. Felipe Naveca (Fiocruz/Amazonas) para triagem das VOC *Alpha*, *Beta* e *Gamma*. Tendo em vista que todos os 27 LACENS receberam esse kit, orienta-se que, no cenário epidemiológico atual, além dos critérios já mencionados para seleção de amostras positivas para o vírus SARS-CoV-2, também selecionem para o uso dessas reações:

- **Para investigação de caso ou óbito, contato ou surto:**

- Caso ou óbito confirmado de covid-19 por critério laboratorial com suspeita epidemiológica de VOC *Delta*
- Contato de um caso ou óbito confirmado, provável ou sugestivo de VOC *Delta*;
- Casos ou óbitos confirmados de covid-19 relacionados com surtos, preferencialmente os que ocorrem em locais de longa permanência como por exemplo: instituições de longa permanência de idosos (ILPI), unidades de privação de liberdade, instituições escolares, hospitais ou embarcações.

- **Para investigação retrospectiva de circulação da VOC *Delta* no município:**

- Caso ou óbito confirmado de covid-19 e que resida no mesmo município de um caso ou óbito confirmado de VOC *Delta* e tenha amostra coletada com intervalo máximo de 15 dias (antes ou depois do caso confirmado).

- **Casos suspeitos de reinfeção**

- Caso ou óbito confirmado de covid-19, com suspeita de reinfeção, independente da variante da primeira infecção.

5.6. Orienta-se que as amostras recentes devem ser priorizadas com a finalidade de oportunizar as ações de prevenção e controle de casos e seus contatos e reduzir a disseminação da covid-19 por meio do isolamento dos casos e quarentena dos contatos.

**ATENÇÃO:** os kits não poderão ser armazenados após sua reconstituição e deverão ser utilizados na sua totalidade a partir do momento em que houver casos prováveis ou sugestivos de VOC *Delta*.

#### 5.7. Cadastro das amostras no Gerenciador de Ambiente Laboratorial – GAL

5.8. As amostras para sequenciamento genômico devem ser cadastradas no GAL como a seguir:

- Agravo: Covid-19
- Finalidade: Investigação
- Exame: Covid-19
- Metodologia: Sequenciamento

## 6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

- 6.1. Recomenda-se que cada Unidade Federada, a partir de sua planilha detalhada, realize a análise epidemiológica dos casos de covid-19 por VOC, VOI ou VA, principalmente no que se refere aos dados de vacinação e evolução; e utilize essa análise para tomada de decisão e comunicação dos casos.
- 6.2. Reforça-se as orientações para a investigação epidemiológica dos casos em que forem identificadas VOC ou VOI, detalhadas no documento "Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 na SVS/MS"<sup>10</sup>; na Nota Técnica nº 59/2021-CGPNI/DEIDT/SVS/MS<sup>13</sup> (que trata sobre as recomendações quanto à nova variante do SARS-CoV-2 no Brasil, disponível em <https://www.gov.br/saude/pt-br/media/pdf/2021/fevereiro/02-1/nota-tecnica-recomendacoes-quanto-a-nova-variante-do-sars-cov-2-no-brasi.pdf>) e na Nota Técnica nº 718/2021-CGPNI/DEIDT/SVS/MS<sup>14</sup> (que orienta sobre vigilância, medidas de prevenção, controle e de biossegurança para casos e contatos relativo à Variante de atenção e/ou preocupação (VOC) Indiana B.1.617 e suas respectivas sublinhagens, disponível em [https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/publicacoes-tecnicas/notas-tecnicas/nota-tecnica-no-718\\_2021-cgpn-deidt\\_svs\\_ms.pdf/view](https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/publicacoes-tecnicas/notas-tecnicas/nota-tecnica-no-718_2021-cgpn-deidt_svs_ms.pdf/view)).
- 6.3. No MS, dados referentes às VOC e VOI são analisados e informados semanalmente no Boleim Epidemiológico Especial da covid-19, que pode ser acessado na página oficial do MS, pelo link <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/boletins-epidemiologicos/numeros-recentes>.
- 6.4. A comunicação e esclarecimento de dúvidas a respeito de casos de infecção pelo vírus SARS-CoV-2 por VOC ou VOI devem ser feitos prioritariamente pelo e-mail [grjpe@saude.gov.br](mailto:grjpe@saude.gov.br).

## 7. REFERÊNCIAS

1. Organização Mundial da Saúde (OMS). **Tracking SARS-CoV-2 variants**. Disponível em: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> Acesso em: 05/08/2021
2. Organização Mundial da Saúde. **Weekly epidemiological update on COVID-19 – 17 July 2021**. Disponível em: <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---27-july-2021> Acesso em: 05/08/2021
3. Marquitti FMD, Coutinho RM, Ferreira LS, Borges ME, Portella TP, da Silva RLP et al. **Brazil in the face of new SARS-CoV-2 variants: emergencies and challenges in public health**. Revista Brasileira de Epidemiologia. 2021; 24: E210022. DOI: [10.1590/1980-549720210022](https://doi.org/10.1590/1980-549720210022)
4. Brasil. Ministério da Saúde. **78 Boletim Epidemiológico Especial. Doença pelo Novo Coronavírus - covid-19. Semana Epidemiológica 34 - 22/08 a 28/08/2021**. Disponível em: [https://www.gov.br/saude/pt-br/media/pdf/2021/setembro/03/boletim\\_epidemiologico\\_covid\\_78.pdf](https://www.gov.br/saude/pt-br/media/pdf/2021/setembro/03/boletim_epidemiologico_covid_78.pdf) Acesso em: 06/09/2021
5. Roquayrol, Zelia Maria; Gurgel, Marcelo. **Epidemiologia & Saúde**. Rio de Janeiro: Medbook, 2018. 8a ed.
6. Organização Mundial de Saúde (OMS). **Coronavirus disease (COVID-19) Situation Report 1 Philippines. 2020**. Disponível em [https://www.who.int/docs/default-source/wpro---documents/countries/philippines/emergencies/covid-19/who-phl-sitrep-1-covid-19-9mar2020.pdf?sfvrsn=2553985a\\_2](https://www.who.int/docs/default-source/wpro---documents/countries/philippines/emergencies/covid-19/who-phl-sitrep-1-covid-19-9mar2020.pdf?sfvrsn=2553985a_2) Acesso em: 04/08/2021
7. Organização Mundial de Saúde (OMS). **Coronavirus disease 2019 (COVID-19) Situation Report – 80. 2020**. Disponível em <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200409-sitrep-80-covid-19.pdf> Acesso em: 04/08/2021
8. Brasil. Ministério da Saúde. Portaria nº 1.061 de 18 de maio de 2020 – GM/MS. Anexo. **Lista Nacional de Notificação Compulsória de doenças, agravos e eventos de Saúde Pública**. Disponível em: <https://www.in.gov.br/en/web/dou/-/portaria-n-1.061-de-18-de-maio-de-2020-259143078> Acesso em: 16/08/2021
9. Brasil. Ministério da Saúde. **Portaria de Consolidação nº 4 de 28 de setembro de 2017 – GM/MS**. Anexo V. Capítulo I, Seção I, Art. 2º, V. Disponível em: [https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2017/prc0004\\_03\\_10\\_2017.html#ANEXO1ANEXO\\_V](https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2017/prc0004_03_10_2017.html#ANEXO1ANEXO_V) Acesso em: 16/08/2021
10. Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS** [recurso eletrônico] / Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. – Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/publicacoes-tecnicas/guias-e-planos/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2> Acesso em: 09/08/2021
11. Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Análise em Saúde e Doenças não Transmissíveis. **Guia de vigilância epidemiológica Emergência de saúde pública de Importância nacional pela Doença pelo coronavírus 2019 – covid-19** [recurso eletrônico] / Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. – Brasília: Ministério da Saúde, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/publicacoes-tecnicas/guias-e-planos/guia-de-vigilancia-epidemiologica-covid-19/view> Acesso em: 09/08/2021
12. Brasil. Ministério da Saúde. **Nota Técnica nº 52/2020 – CGPNI/DEIDT/SVS/MS**. Orientações preliminares sobre a conduta frente a um caso suspeito de reinfeção da covid-19 no Brasil. Disponível em: [https://www.gov.br/saude/pt-br/media/pdf/2020/dezembro/10/11-sei\\_notas-reinfeccao.pdf](https://www.gov.br/saude/pt-br/media/pdf/2020/dezembro/10/11-sei_notas-reinfeccao.pdf) Acesso em: 06/08/2021
13. Brasil. Ministério da Saúde. **Nota Técnica nº 59/2021 – CGPNI/DEIDT/SVS/MS**. Recomendações quanto à nova variante do SARS-CoV-2 no Brasil. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/media/pdf/2021/fevereiro/02-1/nota-tecnica-recomendacoes-quanto-a-nova-variante-do-sars-cov-2-no-brasi.pdf> Acesso em: 06/08/2021
14. Brasil. Ministério da Saúde. **Nota Técnica nº 718/2021 – CGPNI/DEIDT/SVS/MS**. Orientações sobre vigilância, medidas de prevenção, controle e de biossegurança para casos e contatos relativo à Variante de atenção e/ou preocupação (VOC) Indiana B.1.617 e suas respectivas sublinhagens. Disponível em: [https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/publicacoes-tecnicas/notas-tecnicas/nota-tecnica-no-718\\_2021-cgpn-deidt\\_svs\\_ms.pdf/view](https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/publicacoes-tecnicas/notas-tecnicas/nota-tecnica-no-718_2021-cgpn-deidt_svs_ms.pdf/view) Acesso em: 06/08/2021

## 8. ORGANIZAÇÃO

- Coordenação-Geral do Programa Nacional de Imunizações / Departamento de Imunização e Doenças Transmissíveis / Secretaria de Vigilância em Saúde/ Ministério da Saúde (CGPNI/DEIDT/SVS/MS)
- Coordenação Geral de Laboratórios de Saúde Pública / Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde / Ministério da Saúde (CGLAB/DAEVS/MS)

## 9. COLABORAÇÃO

- Secretaria Estadual de Saúde de São Paulo (SES-SP)
- Secretaria Estadual de Saúde do Rio Grande do Sul (SES-RS)
- Secretaria Estadual de Saúde do Rio de Janeiro (SES-RJ)
- Secretaria Estadual de Saúde do Paraná (SES-PR)
- Fundação Oswaldo Cruz / Fiocruz -RJ

- Instituto Evandro Chagas (IEC)
- Instituto Adolfo Lutz (IAL)
- Organização Pan-Americana de Saúde / Organização Mundial da Saúde (OPAS/OMS) - Brasil

## 10. ANEXO I

**LISTA DE VARIANTES DE PREOCUPAÇÃO (VOC) (QUADRO 3), VARIANTES DE INTERESSE (VOI) (QUADRO 4) E VARIANTES DE ALERTA (VA) (QUADRO 5), SEGUNDO A ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE.**

**Quadro 3.** Variantes de Preocupação (VOC)

Nomenclatura OMS	Linhagens Pango <sup>1</sup>	GISAID clado	Nextstrain clado	Alterações adicionais de aminoácidos monitoradas <sup>2</sup>	Primeiras amostras documentadas	Data de designação
<i>Alpha</i>	B.1.1.7 <sup>3</sup>	GRY	20I (V1)	+S:484K +S:452R	Reino Unido, Set-2020	18-Dez-2020
<i>Beta</i>	B.1.351	GH/501Y.V2	20H (V2)	+S:L18F	África do Sul, Maio-2020	18-Dez-2020
<i>Gamma</i>	P.1	GR/501Y.V3	20J (V3)	+S:681H	Brasil, Nov-2020	11-Jan-2021
<i>Delta</i>	B.1.617.2 <sup>4</sup>	G/478K.V1	21A	+S:417N	Índia, Out-2020	VOI: 4-Abr-2021 VOC: 11-Ma-2021

Fonte: Organização Mundial da Saúde <sup>1</sup> em 02 de setembro de 2021.

<sup>1</sup> Inclui todas as linhagens descendentes. A lista completa das linhagens Pango pode ser encontrada aqui: [https://cov-lineages.org/lineage\\_list.html](https://cov-lineages.org/lineage_list.html)

<sup>2</sup> Encontrado apenas em um subconjunto de sequências

<sup>3</sup> inclui todas as linhagens Q. \* (No sistema de nomenclatura Pango, Q é um código para B.1.1.7)

<sup>4</sup> inclui todas as linhagens AY. \* (No sistema de nomenclatura Pango, AY é um código para B.1.617.2); para obter mais informações sobre as linhagens AY. \*, visite: <https://www.pango.network/new-ay-lineages/>

**Quadro 4.** Variantes de Interesse (VOI)

Nomenclatura OMS	Linhagens Pango <sup>1</sup>	GISAID clado	Nextstrain clado	Primeiras amostras documentadas	Data de designação
<i>Eta</i>	B.1.525	G/484K.V3	21D	Múltiplos países, Dez-2020	17-Mar-2021
<i>Iota</i>	B.1.526	GH/253G.V1	21F	Estados Unidos, Nov-2020	24-Mar-2021
<i>Kappa</i>	B.1.617.1	G/452R.V3	21B	Índia, Out-2020	4-Abr-2021
<i>Lambda</i>	C.37	GR/452Q.V	21G	Peru, Dez-2020	14-Jun-2021
<i>Mu</i>	B.1.621	GH	21H	Colômbia Jan-2021	30-Ago-2021

Fonte: Organização Mundial da Saúde <sup>1</sup> em 02 de setembro de 2021.

<sup>1</sup> Inclui todas as linhagens descendentes. A lista completa das linhagens Pango pode ser encontrada aqui: [https://cov-lineages.org/lineage\\_list.html](https://cov-lineages.org/lineage_list.html)

**Quadro 5.** Variantes de Alerta (VA)

Linhagens Pango	GISAID clado	Nextstrain clado	Primeiras amostras documentadas	Data de designação
B.1.427 B.1.429 (Antiga VOI <i>Epsilon</i> – B.1.427/B.1.429)	GH/452R.V1	21C	Estados Unidos, Mar-2020	VOI: 5-Mar-2021 VA: 6-Jul-2021
R.1	GR	-	Múltiplos países, Jan-2021	07-Abr-2021
B.1.466.2	GH	-	Indonésia, Nov-2020	28-Abr-2021
B.1.621 B.1.621.1	GH	21H	Colômbia, Jan-2021	26-Maio-2021
B.1.1.318	GR	-	Múltiplos países, Jan-2021	02-Jun-2021
B.1.1.519	GR	20B/5.732A	Múltiplos países, Nov-2020	02-Jun-2021
C.36.3	GR	-	Múltiplos países, Jan-2021	16-Jun-2021
B.1.214.2	G	-	Múltiplos países, Nov-2020	30-Jun-2021
B.1.1.523	GR	-	Múltiplos países, Maio-2020	14-Jul-2021
B.1.619	G	20A/5.126A	Múltiplos países, Maio-2020	14-Jul-2021
B.1.620	G	-	Múltiplos países, Nov-2020	14-Jul-2021
C.1.2	GR	-	África do Sul Maio-2021	01-Set-2021

Fonte: Organização Mundial da Saúde <sup>1</sup> em 02 de setembro de 2021.

<sup>1</sup> Inclui todas as linhagens descendentes. A lista completa das linhagens Pango pode ser encontrada aqui: [https://cov-lineages.org/lineage\\_list.html](https://cov-lineages.org/lineage_list.html)

11. ANEXO II

**EXEMPLO DE PREENCHIMENTO PRELIMINAR DA PLANILHA DETALHADA DE CASOS DE COVID-19 POR VARIANTES DE PREOCUPAÇÃO (VOC), VARIANTES DE INTERESSE (VOI) E VARIANTES DE ALERTA (VA) VOC, VOI OU VA**

	A	B	E	G	R	S	T	W	X	Y	Z	AA	AB	AF	AG
	ID	UF de notificação	Data notificação para SVS/MS	Nome Completo	Classificação da variante (VOC, VOI ou VA)	Nomenclatura OMS da VOC, VOI ou VA (Alpha, Beta, Gamma, Delta, Lambda, etc)	Método laboratorial mais recente (Sequenciamento completo, sequenciamento parcial ou RT-PCR de inferência)	Resultado sequenciamento completo (indique a linhagem)	Laboratório que fez o sequenciamento completo	Data resultado do sequenciamento completo	Resultado sequenciamento parcial (indique a linhagem)	Laboratório que fez o sequenciamento parcial	Data do resultado sequenciamento parcial	Resultado RT-PCR de inferência	Laboratório que fez o RT-PCR de inferência
3															
4	1	XX	xx/xx/xxxx	SEM NOME	VOC	Delta	Sequenciamento completo	B.1.617.2	XXXXX	xx/xx/xxxx					
5	2	XX	xx/xx/xxxx	SEM NOME	VOC	Delta	Sequenciamento completo	B.1.617.2	XXXXX	xx/xx/xxxx					
6	3	XX	xx/xx/xxxx	SEM NOME	VOC	Delta	Sequenciamento completo	B.1.617.2	XXXXX	xx/xx/xxxx					
7	4	XX	xx/xx/xxxx	SEM NOME	VOC	Delta	Sequenciamento parcial				B.1.617.2	XXXXX	xx/xx/xxxx		
8	5	XX	xx/xx/xxxx	SEM NOME	VOC	Delta	Sequenciamento parcial				B.1.617.2	XXXXX	xx/xx/xxxx		
9	6	XX	xx/xx/xxxx	SEM NOME	VOC	Delta	RT-PCR de inferência							B.1.617.2	XXXXX
10	7	XX	xx/xx/xxxx	SEM NOME	VOC	Delta	RT-PCR de inferência							B.1.617.2	XXXXX
11	8	XX	xx/xx/xxxx	SEM NOME	VOC	Delta	RT-PCR de inferência							B.1.617.2	XXXXX
12	9	XX	xx/xx/xxxx	SEM NOME	VOI	Lambda	Sequenciamento completo	C.37	XXXXX	xx/xx/xxxx					
13	10	XX	xx/xx/xxxx	SEM NOME	VOI	Lambda	Sequenciamento completo	C.37	XXXXX	xx/xx/xxxx					

Fonte: GT-Covid-19, Influenza e Outros Vírus Respiratórios/CGPNI/DEIDT/SVS/MS

Atenciosamente,

ADRIANA REGINA FARIAS PONTES LUCENA  
Coordenadora Geral do Programa Nacional de Imunizações - Substituta

CÁSSIA DE FÁTIMA RANGEL FERNANDES  
Diretora do Departamento de Imunização e Doenças Transmissíveis

CARLA FREITAS  
Coordenadora Geral de Laboratórios e Saúde Pública

BRENO LEITE SOARES  
Diretor do Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde



Documento assinado eletronicamente por **Cássia de Fátima Rangel Fernandes**, Diretor do Departamento de Imunização e Doenças Transmissíveis, em 21/09/2021, às 09:55, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#); e art. 8º, da [Portaria nº 900 de 31 de Março de 2017](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site [http://sei.saude.gov.br/sei/controlador\\_externo.php?acao=documento\\_conferir&id\\_orgao\\_acesso\\_externo=0](http://sei.saude.gov.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **0022658813** e o código CRC **0C7DCA78**.