

SECRETARIA DE ESTADO DE SAÚDE DE MINAS GERAIS
SUBSECRETARIA DE VIGILÂNCIA EM SAÚDE
COORDENAÇÃO ESTADUAL DE LABORATÓRIOS E PESQUISA EM VIGILÂNCIA



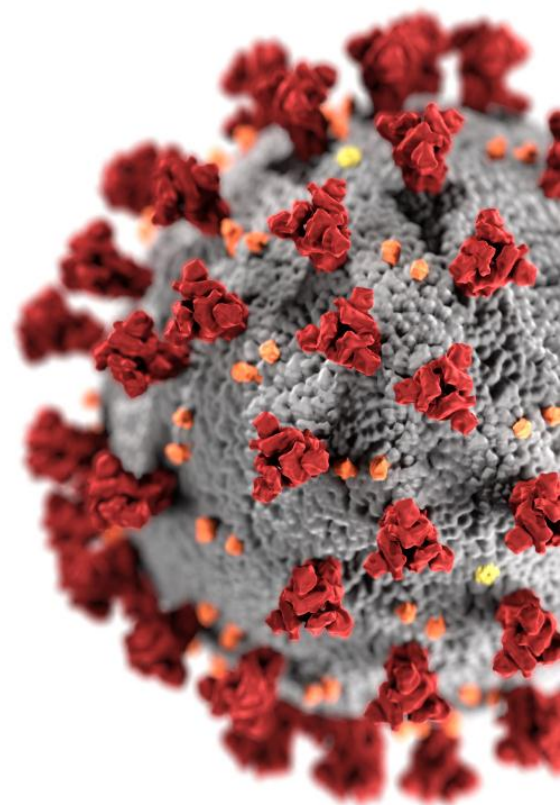
Boletim

Epidemiológico

e Assistencial

COVID-19

Edição Especial
Número 30



Governador do Estado de Minas Gerais

Romeu Zema Neto

Secretário de Estado de Saúde de Minas Gerais

Fábio Baccheretti Vitor

Secretário de Estado Adjunto

André Luiz Moreira dos Anjos

Chefia de Gabinete

Luiza Hermeto Coutinho Campos

Assessoria de Comunicação Social

Antônio Cotta

Subsecretaria de Políticas e Ações de Saúde

Naila Marcela Nery Ferrari

Subsecretaria de Regulação do Acesso a Serviços e Insumos de Saúde

Juliana Ávila Teixeira

Subsecretaria de Inovação e Logística em Saúde

André de Andrade Ranieri

Subsecretaria de Gestão Regional

Darlan Venâncio Thomaz Pereira

Subsecretaria de Vigilância em Saúde

Janaína Passos de Paula

Organização

Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância (CELP)

Colaboração

Sala de Situação e CIEVS Minas

Revisão

Jaqueline Silva de Oliveira

Apresentação

Este boletim tem como objetivo descrever os aspectos epidemiológicos e assistenciais relacionados ao monitoramento das variantes do SARS-CoV-2 no estado de Minas Gerais e orientar as ações de vigilância, prevenção e controle.

Introdução

No último ano, em virtude da pandemia causada pelo novo coronavírus (SARS-CoV-2), a avaliação genômica ganhou notoriedade, assumindo um papel fundamental na gestão da vigilância em saúde.

Além de apoiar o desenvolvimento de novas técnicas diagnósticas, novos medicamentos e vacinas¹, as análises genômicas são capazes de identificar aspectos dinâmicos das doenças que não são sensíveis aos indicadores epidemiológicos clássicos, contribuindo substancialmente para o monitoramento e avaliação de estratégias para o enfrentamento destas doenças. A avaliação genômica pode constituir, portanto, uma importante ferramenta para o embasamento da tomada de decisão e para a elaboração de políticas públicas de saúde, especialmente frente às emergências, como a crise sanitária causada pelo SARS-CoV-2.

No atual contexto, a vigilância genômica foi incluída no escopo de ações para acompanhamento da evolução do SARS-CoV-2 ao redor do mundo². Desde o início desta pandemia, milhares de variantes do vírus estão em circulação, sendo esperado o surgimento de novas mutações na sua estrutura ao longo do tempo, como um processo evolutivo de caráter natural do vírus. A maioria das mutações do SARS-CoV-2 não tem impacto epidemiológico significativo, ou seja, não interferem na disseminação e gravidade da doença.

Entretanto, nos casos em que as mutações acarretam alterações que fornecem ao vírus vantagens seletivas como maior transmissibilidade, maior virulência e/ou mecanismos para escapar do sistema imunológico do hospedeiro as variantes resultantes dessas mutações são chamadas de Variantes de Atenção e/ou preocupação (do inglês, **variant of concern - VOCs**) ou Variantes de interesse (do inglês, **variant of interest- VOIs**).

Neste sentido, o aumento da circulação das variantes VOC e VOI em vários países nos últimos meses tem chamado a atenção das autoridades em todo mundo, em função de um possível incremento no uso dos serviços de saúde, especialmente das hospitalizações e no número de óbitos³.

¹ Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health. Geneva: World Health Organization; 2021. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240018440>

² SARS-CoV-2 genomic sequencing for public health goals. Interim guidance. World Health Organization;2021.

³ Atualização epidemiológica: Incremento de variante Delta e seu potencial impacto nas Américas. Organização Pan-americana da Saúde; 2021.

Diante deste cenário, este boletim tem como objetivo: descrever a situação epidemiológica atual com base nos dados de vigilância genômica, identificando as variantes/linhagens do SARS-Cov-2 em circulação no estado de Minas Gerais.

Linhagens e variantes de preocupação mundial e variantes de interesse local

Linhagens são definidas como entidades/organismos que compartilham um ancestral comum e apresentam mutações similares. Novas linhagens surgem à medida que os vírus se multiplicam gerando o acúmulo de mutações. As mutações são, em sua grande maioria, silenciosas e/ou prejudiciais a essas entidades.

No caso dos vírus, a maioria das mutações não causa mudanças na capacidade de dispersão, infecção ou na gravidade da doença. Entretanto, uma minoria dessas modificações pode levar o vírus a se tornar mais transmissível ou mais letal.

A classificação das variantes do SARS-CoV-2 é realizada pela Organização Mundial da Saúde (OMS), levando-se em consideração o risco representado para a saúde pública global. O quadro 1 mostra as alterações consideradas para classificação das variantes:

Quadro 1: Critérios para a classificação das variantes do SARS-CoV-2 pela OMS

Variantes de Interesse (VOI)	Variantes de Atenção (VOC)
<p>Alterações que tem impacto na transmissibilidade, gravidade da doença, escape imunológico, escape diagnóstico ou terapêutico</p> <p style="text-align: center;">E</p> <p>que causam transmissão significativa em vários países com prevalência relativa crescente juntamente com o aumento do número de casos ao longo do tempo, ou outros impactos epidemiológicos.</p>	<p>Aumento da transmissibilidade ou alteração prejudicial na epidemiologia da COVID-19;</p> <p style="text-align: center;">OU</p> <p>Aumento da virulência ou mudança na apresentação clínica da doença;</p> <p style="text-align: center;">OU</p> <p>Diminuição da eficácia das medidas sociais e de saúde pública (diagnóstico, vacinas e terapias disponíveis).</p>

Fonte: Organização Mundial de Saúde

Até o momento, são descritas quatro variantes de preocupação (VOC), que foram nomeadas pela OMS utilizando letras do alfabeto grego (**Quadro 1**). Segundo a OMS, as nomenclaturas não substituem nomes científicos existentes (por exemplo, aqueles atribuídos pelas iniciativas GISAID, Nextstrain e Pango), que transmitem informações científicas importantes e continuarão sendo usadas em pesquisas.

Quadro 1 – Nomenclatura e Características das variantes de preocupação (VOC) do SARS-CoV-2

Nomenclatura OMS	Linhagem Pango	Mutações	País de Origem	Risco
ALFA	B.1.1.7	23 substituições de nucleotídeos	Reino Unido	De acordo com a OMS, a VOC Alfa foi responsável por um aumento significativo da transmissibilidade, que contribuiu para aumentos na incidência, hospitalizações e pressão sobre o sistema de saúde.
BETA	B.1.351	Alteração de vários aminoácidos, sendo três alterações localizadas no domínio de ligação ao receptor (RBD) (alteração de aminoácidos K417N, E484K e N501Y).	África do Sul	As análises indicam que esta variante também pode apresentar maior potencial de transmissibilidade.
GAMMA	P.1	Essa variante possui 12 mutações na proteína espícula (<i>spike</i>), incluindo três mutações de interesse em comum com a variante Beta (K417N, E484K e N501Y), localizadas no domínio de ligação ao receptor (RBD).	Brasil (Manaus)	As mutações presentes na variante Gamma podem afetar a transmissibilidade e a resposta imune do hospedeiro. Tendo em vista o aumento rápido e expressivo do número de casos e óbitos pela doença em Manaus, a partir de dezembro de 2020, há uma hipótese de que isso esteja relacionado com uma maior infectividade dessa variante.
DELTA	B.1.617.2	Inclui várias mutações presentes em outros VOIs/VOCs. Possui múltiplas mutações na proteína <i>spike</i> , incluindo L452R, T478K, D614G e P681R.	Índia	Esta é uma variante de preocupação, pois possui evidências de escape imunológico, podendo afetar a neutralização por alguns anticorpos policlonais e monoclonais. Além disso, a mutação L452R foi identificada anteriormente em outra variante de interesse (B.1.427 / B.1.429) que tem sido associada ao aumento da transmissibilidade.

Fonte: Adaptado de Organização Mundial da Saúde, Rastreamento de variantes SARS-CoV-2. Disponível em: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

A emergência das variantes do SARS-CoV-2 foi registrada em uma diversidade de locais no mundo. Os países de origem das variantes VOI e VOC, classificadas pela OMS até o momento, são demonstrados na **Figura 1**.

Figura 1 - Países de origem das variantes de preocupação (VOC) e variantes de interesse (VOI) do SARS-CoV-2, classificadas pela Organização Mundial da Saúde (OMS).



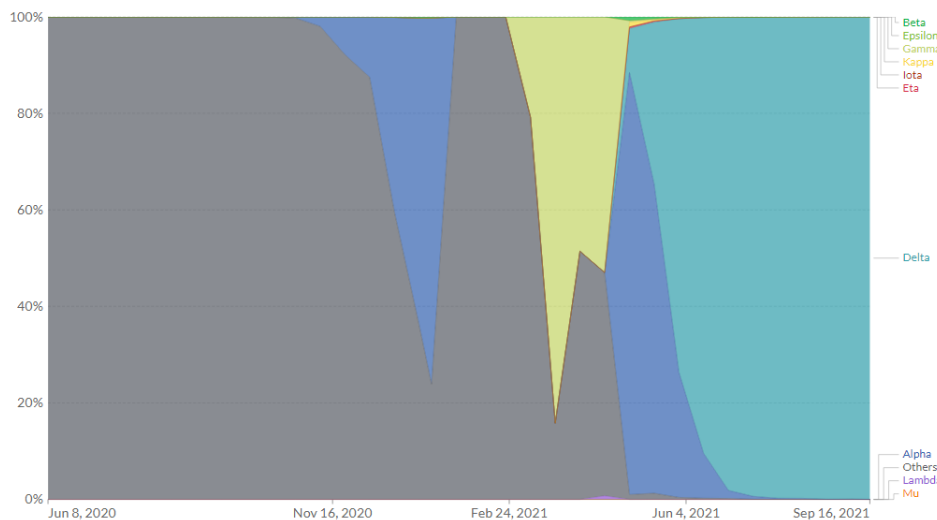
Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância (CELP) - Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais (SES-MG).

De acordo com a última atualização epidemiológica da Organização Mundial da Saúde⁴, conforme as ações de vigilância genômica do SARS-CoV-2 foram sendo fortalecidas, o número de países que relatam a circulação das VOCs e VOIs continua a aumentar.

⁴ World Health Organization.

Em julho de 2020, foi notificada pela primeira vez a variante B.1.6.17.2 que, posteriormente, foi designada como VOC Delta⁵. Desde sua notificação, foi observado aumento exponencial da circulação de VOC Delta. Atualmente, a VOC Delta está presente em 135 países, sendo 22 países e territórios na Região das Américas. Em setembro de 2021, foi observada uma predominância global de VOC Delta em mais de 90% das amostras a nível global⁶ (**Figura 2**).

Figura 2 – Distribuição percentual das variantes de preocupação (VOC) e variantes de interesse (VOI) a partir do GISAID no mundo. Maio de 2020 a setembro de 2021.



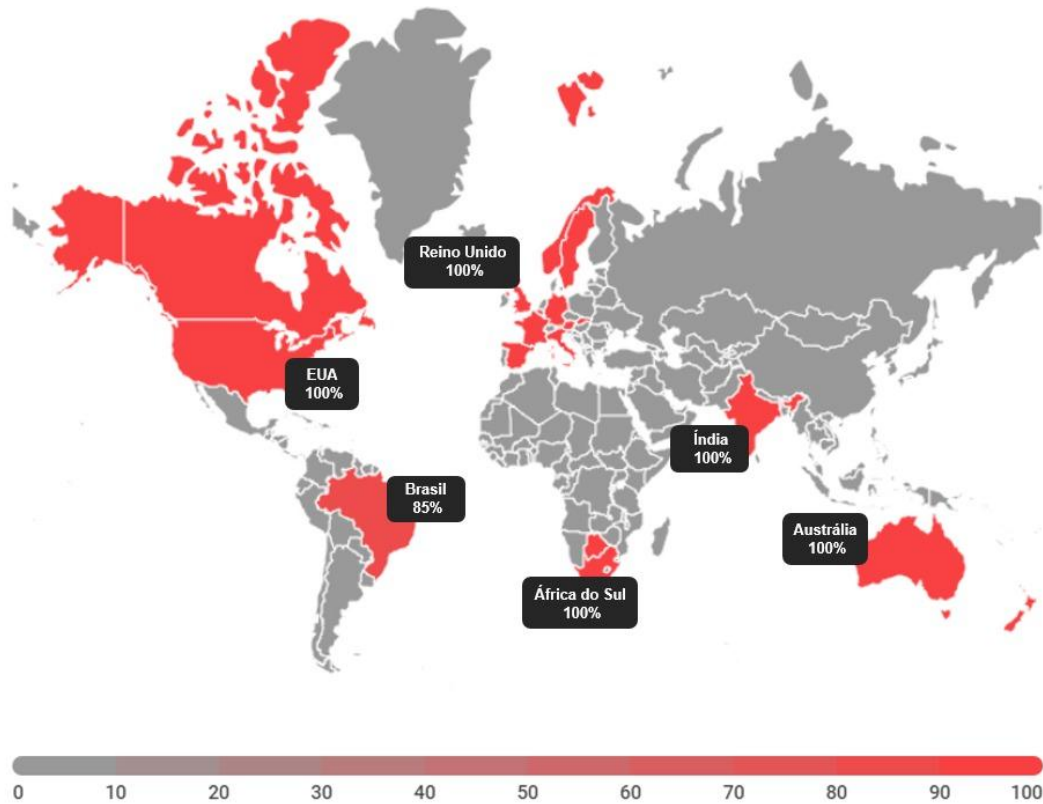
Fonte: Our World in data. Atualizado em 22 de setembro de 2021. Acessado em 23 de setembro de 2021. Disponível em: <https://ourworldindata.org>.

Na **Figura 3** é demonstrada a proporção da VOC Delta no total de sequências analisadas em alguns países, nas últimas duas semanas. Embora os dados possam refletir apenas uma análise parcial dos casos, uma vez que apenas uma fração de todos os casos são analisados geneticamente, percebe-se uma alta proporção da variante no total de amostras sequenciadas em alguns países como Estados Unidos, Reino Unido, Austrália, Índia, África do Sul e Brasil.

⁵ Atualização epidemiológica: Incremento de variante Delta e seu potencial impacto nas Américas. Organização Pan-americana da Saúde; 2021.

⁶ Atualização epidemiológica: Incremento de variante Delta e seu potencial impacto nas Américas. Organização Pan-americana da Saúde; 2021.

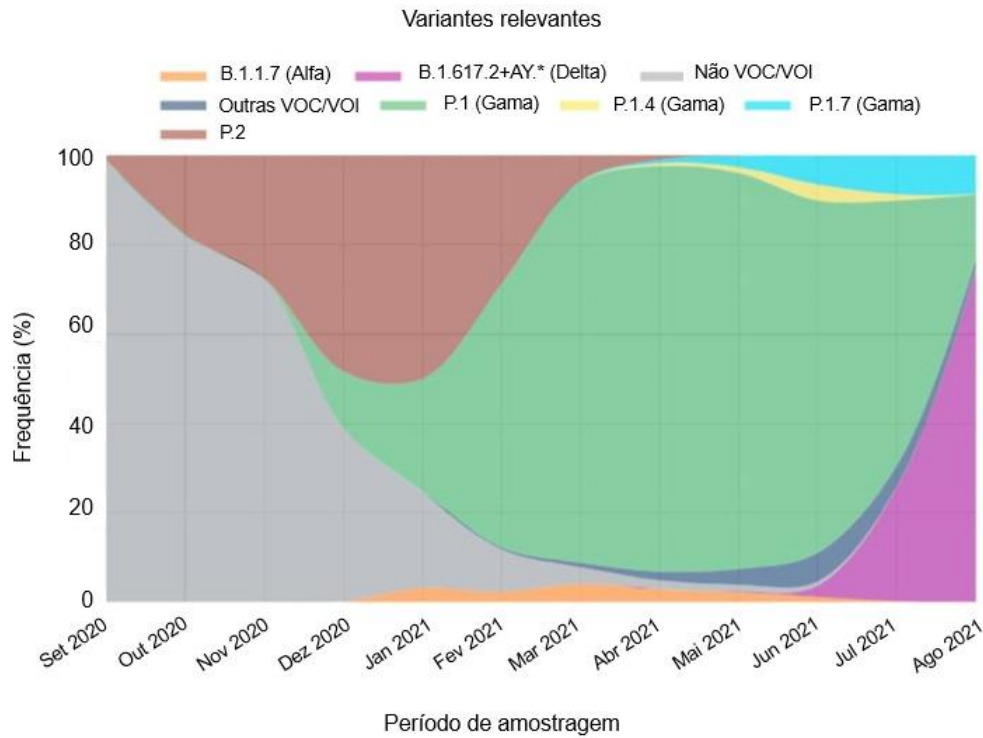
Figura 3 – Proporção de sequências da VOC Delta do SARS-CoV-2 obtidas nas últimas semanas, no mundo. Setembro, 2021.



Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância (CELP) - Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais (SES-MG), com base nos dados Our World in data. Atualizado em 16 de setembro de 2021. Acessado em 23 de setembro de 2021. Disponível em: <https://ourworldindata.org>

De acordo com os dados da Rede Genômica da Fiocruz e da Plataforma GISAID, desde o início da pandemia, a VOC mais prevalente no Brasil foi a Gamma. Entretanto, as VOC Alpha e Delta têm sido identificadas no território brasileiro. Atualmente, os dados disponíveis demonstram a representatividade da VOC Gamma (23,3%) e a Delta (74,5%) no mês de setembro de 2021 (**Figura 4**).

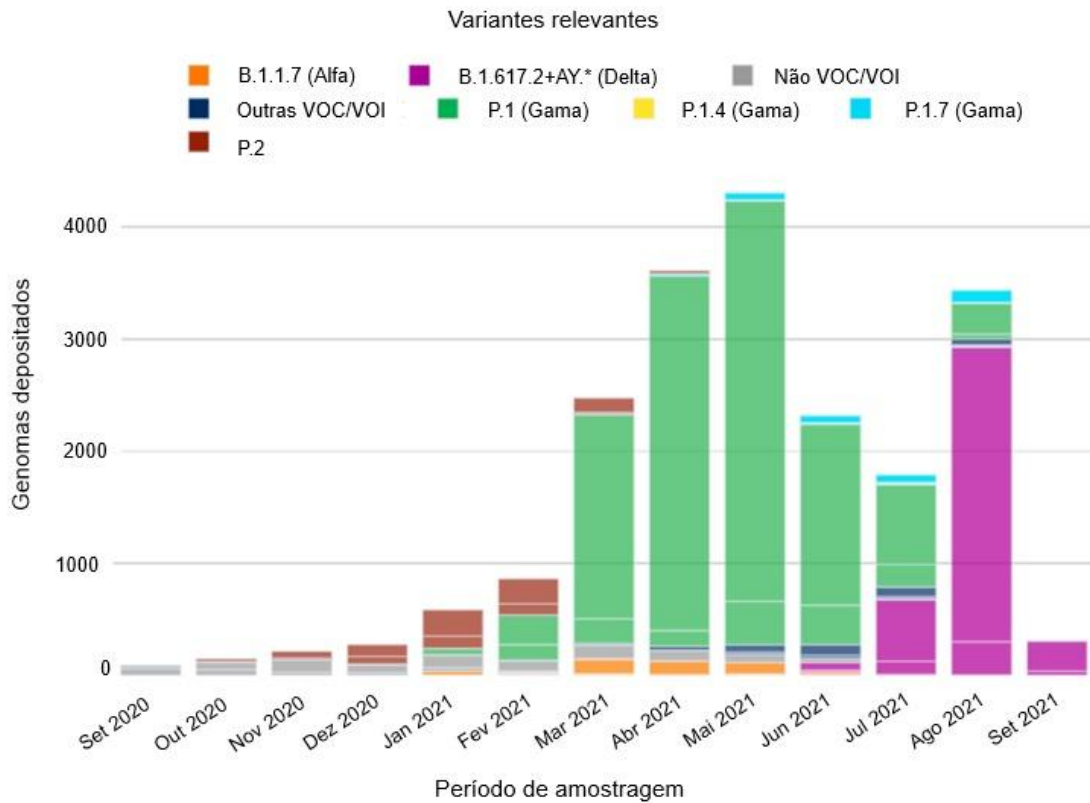
Figura 4 – Frequência das principais linhagens/variantes do SARS-CoV-2 identificadas no Brasil, por mês de amostragem



Fonte: Fundação Oswaldo Cruz, Rede Genômica Fiocruz. Atualizado em 21/09/2021. Acessado em 23 de setembro de 2021. Disponível em: <http://www.genomahcov.fiocruz.br/dashboard/>

A notificação da variante Delta em território brasileiro se deu a partir do mês de maio de 2021, com circulação especialmente na região Sudeste (**Figura 5**), onde foi observado um aumento da sua ocorrência entre os meses de junho (n=70), julho (n=551) e agosto (n=2.627) de 2021.

Figura 5 – Frequência absoluta das principais linhagens/variantes do SARS-CoV-2 encontradas na região Sudeste do Brasil, por mês de amostragem

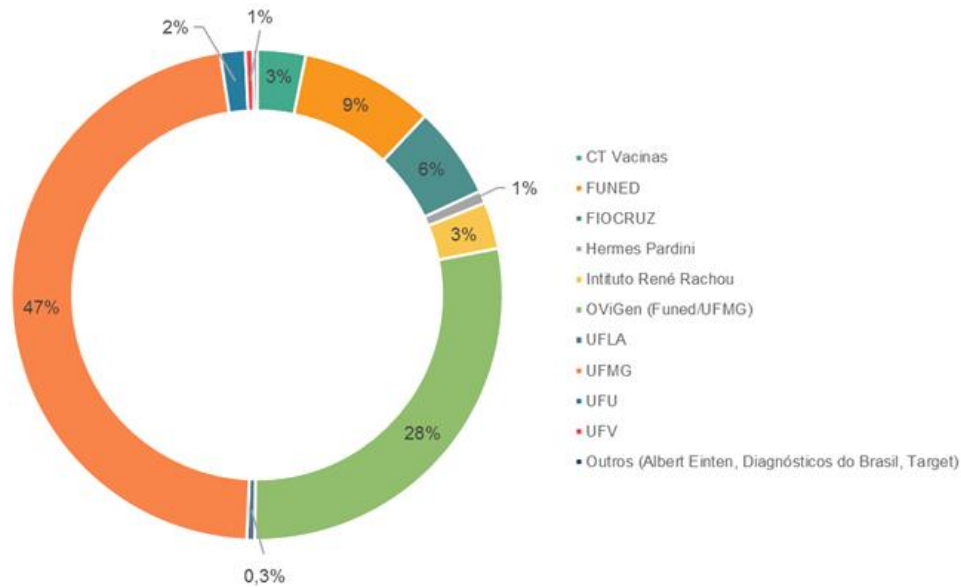


Fonte: Fundação Oswaldo Cruz, Rede Genômica Fiocruz. Atualizado em 21/09/2021. Acessado em 23 de setembro de 2021. Disponível em: <http://www.genomahcov.fiocruz.br/dashboard/>

Análise das amostras submetidas a vigilância genômica - notificadas à vigilância em saúde da SES-MG

Para apresentação deste boletim epidemiológico foram considerados os dados de amostras coletadas entre janeiro e agosto de 2021, com resultados notificados à SES-MG até o dia 31 de agosto de 2021. No total, neste período foram analisadas geneticamente 3.479 amostras sequenciadas ou genotipadas (RT-qPCR ou sequenciamento de sangue). O **Gráfico 1** mostra a proporção das amostras de acordo com o laboratório executor das análises genéticas.

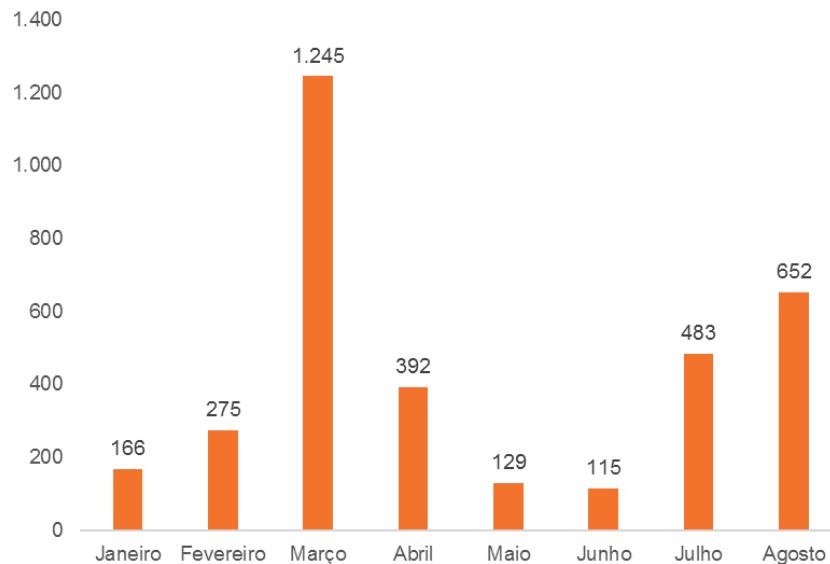
Gráfico 1 – Proporção de amostras submetidas a vigilância genômica em Minas Gerais, notificadas à Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais, por laboratório de análise em 2021.



Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

No **Gráfico 2** é apresentado o número de amostras caracterizadas geneticamente (n=3.457) de acordo com o mês de coleta, analisadas no período entre janeiro e julho de 2021, sendo que 22 amostras notificadas, não possuem informação da data de coleta.

Gráfico 2 – Número de amostras caracterizadas geneticamente em Minas Gerais notificadas à Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais, de acordo com mês de coleta, em 2021.

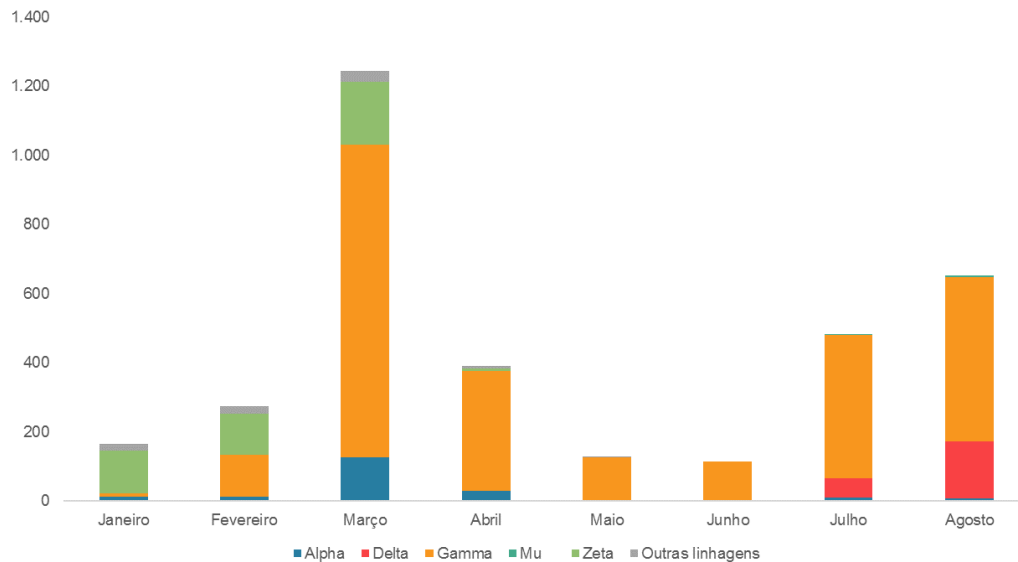


Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

Observa-se um número significativo de amostras no mês de março, sendo que a maior parte das amostras foram analisadas pela UFMG no projeto desenvolvido em parceria com a SES-MG, LACEN-MG/FUNED, UFV e Prefeitura de Belo Horizonte, com o objetivo de avaliar a frequência das variantes em circulação em Minas Gerais nos meses de março e abril de 2021. Como resultado do projeto, foram avaliadas 1.199 amostras que correspondem a 96% das amostras analisadas no mês de março.

A partir da caracterização genética realizada pelas diferentes instituições, foi identificado em Minas Gerais, um total de 18 variantes/linhagens do SARS-CoV-2. Algumas destas circulam em todo o Brasil desde o início da pandemia (B.1.1.28 e B.1.1.33) e outras são variantes de preocupação ou interesse (Alpha, Gamma, Zeta e Delta) que surgiram a partir das mutações no vírus. O **Gráfico 3** mostra o número de variantes notificadas entre janeiro e agosto de 2021, em Minas Gerais.

Gráfico 3 – Principais linhagens/variantes notificadas à Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais, por mês de coleta em 2021.



Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

O número de linhagens/variantes detectadas por Macrorregião pode ser consultado na **Tabela 1**. De acordo com os dados apresentados, podemos observar a identificação, em maior proporção, da VOC Gamma em todas as macrorregiões de saúde. Enquanto a VOC Alpha apresenta um perfil diferenciado, a qual foi identificada em menor proporção na amostragem realizada em 13 macrorregiões de Minas Gerais, não sendo identificada apenas na macro Noroeste. A VOC Delta foi identificada em 11 macrorregiões sendo identificada em maior proporção nas macrorregiões Sudeste e Noroeste.

Tabela 1 - Número total de amostras e percentual de casos de VOCs notificadas à Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais, por macrorregião de saúde.

Macrorregião	Total de amostras	Alpha (%)	Delta (%)	Gamma (%)
<i>Centro</i>	1.165	6,3	4,7	68,2
<i>Centro Sul</i>	102	9,8	2,9	71,6
<i>Jequitinhonha</i>	79	2,5	-	57,0
<i>Leste</i>	59	8,5	-	76,3
<i>Leste do Sul</i>	109	11,9	7,3	68,8
<i>Nordeste</i>	259	11,6	1,9	74,9
<i>Noroeste</i>	151	-	11,3	82,8
<i>Norte</i>	283	1,1	4,2	84,1
<i>Oeste</i>	70	10,0	-	71,4
<i>Sudeste</i>	339	3,8	29,8	56,0
<i>Sul</i>	365	1,6	0,8	79,7
<i>Triângulo do Norte</i>	122	1,6	5,7	79,5
<i>Triângulo do Sul</i>	163	1,2	0,6	93,9
<i>Vale do Aço</i>	163	21,5	4,3	66,3
<i>Outros estados</i>	21	4,8	14,3	66,7

Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

Embora ainda haja um predomínio da variante Gamma no estado, observa-se uma ampliação da circulação da variante Delta, o que exige uma especial atenção, devido a característica de maior transmissibilidade desta variante.

Perfil demográfico e clínico dos pacientes em que as variantes Alpha, Gamma e Zeta foram detectadas

A partir dos dados referentes às amostras avaliadas geneticamente, foi realizada uma análise do perfil demográfico e clínico dos pacientes (**Tabela 2**). As variáveis foram obtidas através do cruzamento das informações dos pacientes (nome, data de nascimento e nome da mãe) com os bancos de casos notificados nos sistemas oficiais E-SUS e SIVEP Gripe. Das 3.479 notificações, apenas 58% (2.031) retornaram resultados.

Tabela 2 – Características demográficas dos pacientes com amostras identificadas com as principais variantes notificadas à Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais

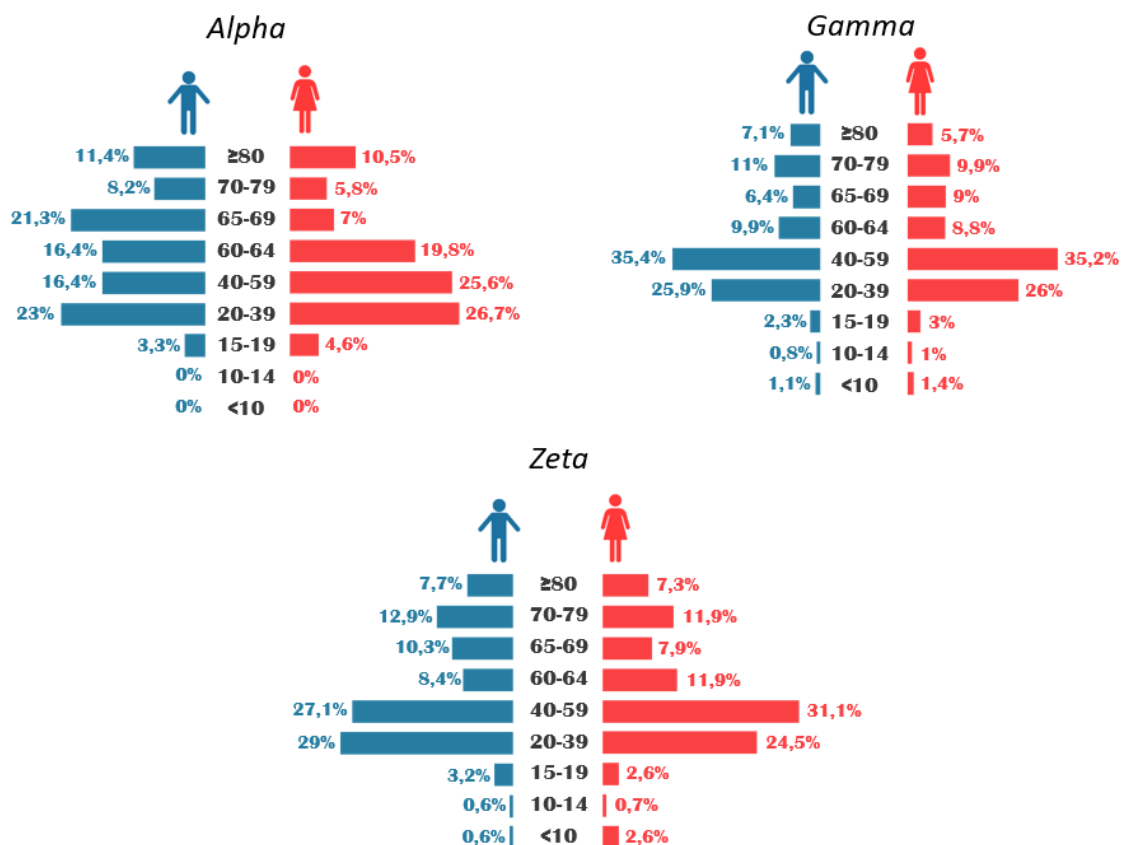
Variáveis	Alpha <i>n=147</i>	Gamma <i>n=1.531</i>	Zeta <i>n=306</i>
Idade (anos)			
Mínimo - Máximo	16 - 98	17* - 100	1 - 99
Mediana	59	51	51
Sexo (%)			
Feminino	59	52	51
Masculino	41	48	49
Raça (%)			
Amarela	2	3	3
Branca	33	31	30
Indígena	-	-	-
Parda	48	45	45
Preta	7	8	9
Não informado	10	13	13
Evolução (%)			
Recuperado	52	46	45
Óbito	14	15	12
Não informado	34	39	43
Condições e fatores de risco para complicações da COVID-19 (%)			
Sim	19	20	18
Não	12	14	10
Não informado	69	66	72

*Idade mínima 17 dias

Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

Observa-se um alto percentual de dados não informados nas variáveis clínicas (Evolução e Comorbidades). Para as variantes Alpha e Gamma a faixa etária mais frequente foi a de 20 a 59 anos. O sexo masculino foi mais frequente na faixa etária entre 65 e 69 anos nos casos identificados com a variante Alpha (**Figura 6**).

Figura 6 - Pirâmide etária dos indivíduos com amostras caracterizadas geneticamente, notificadas à Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais, segundo o sexo e estratificadas por variante

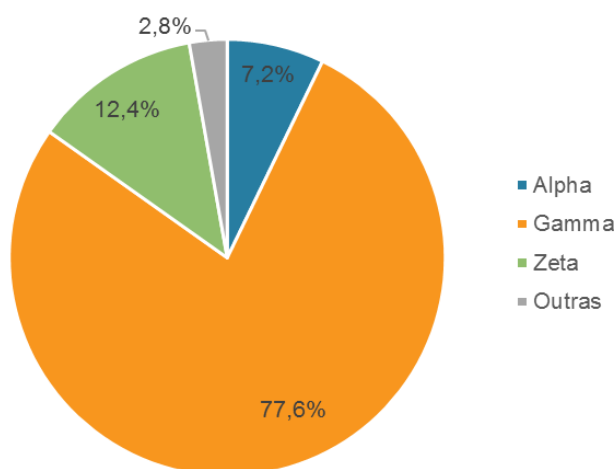


Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

Evolução clínica

Apenas 61% (1.238) das notificações tinham informação sobre a evolução clínica dos pacientes. Destes pacientes, 290 foram classificadas com o desfecho “Óbito” e 948 como “recuperados”. Entre o grupo com desfecho “óbito”, a variante Gamma foi a mais frequente (**Gráfico 4**).

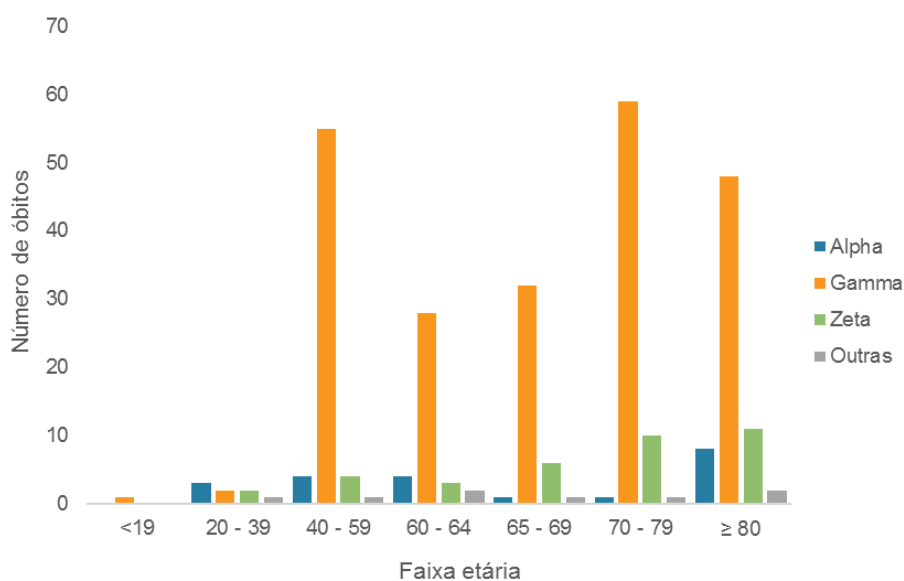
Gráfico 4 - Proporção de linhagens/variantes notificadas à SES-MG entre os pacientes com desfecho clínico classificado como “óbito”.



Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

Os pacientes com desfecho classificado como “óbito” tinham mediana de idade igual a 69 anos, sendo 56% (164) do sexo masculino. Observa-se que a variante Gamma foi a única relacionada a caso de óbito em menores de 19 anos, tendo casos com desfecho “óbito” em todas as faixas etárias (**Gráfico 5**). Para a variante Alpha os casos de óbito foram mais frequentes entre a faixa etária acima de 80 anos.

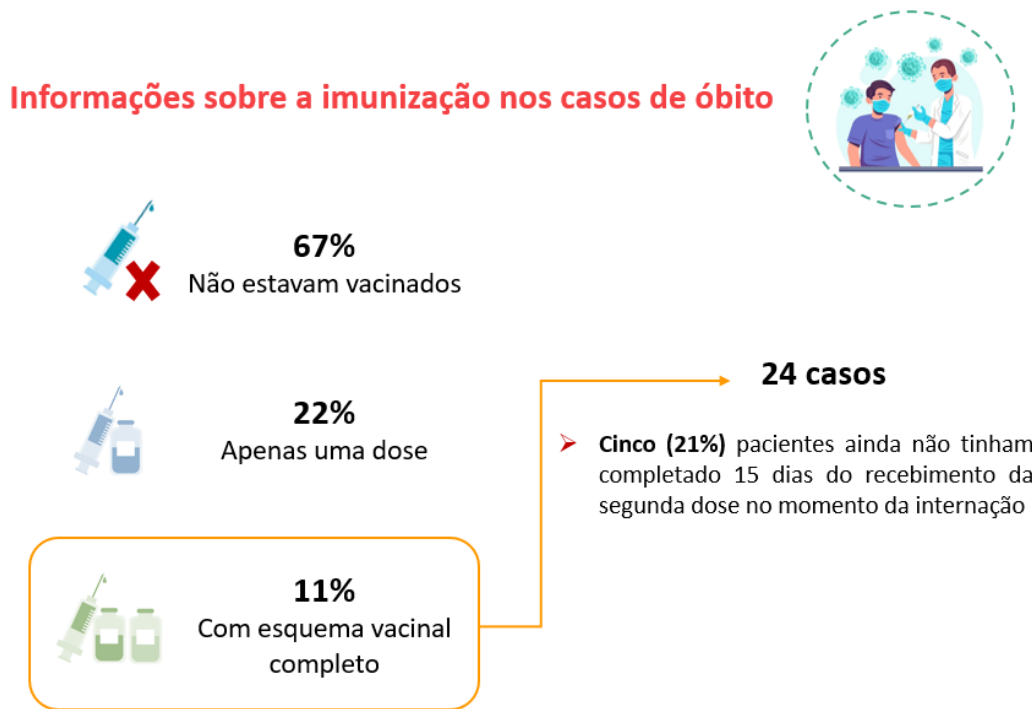
Gráfico 5 - Número de óbitos por faixa etária entre as linhagens/variantes notificadas à SES-MG.



Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

A **Figura 7**, mostra os dados referentes a imunização dos pacientes que evoluíram para o óbito. Em 89% (n=261) dos casos os pacientes não estavam imunizados e/ou haviam recebido apenas a primeira dose da vacina. Esse dado reforça a importância da vacinação, com esquema completo, para controle dos casos graves da doença com consequente diminuição da mortalidade relacionada a COVID-19.

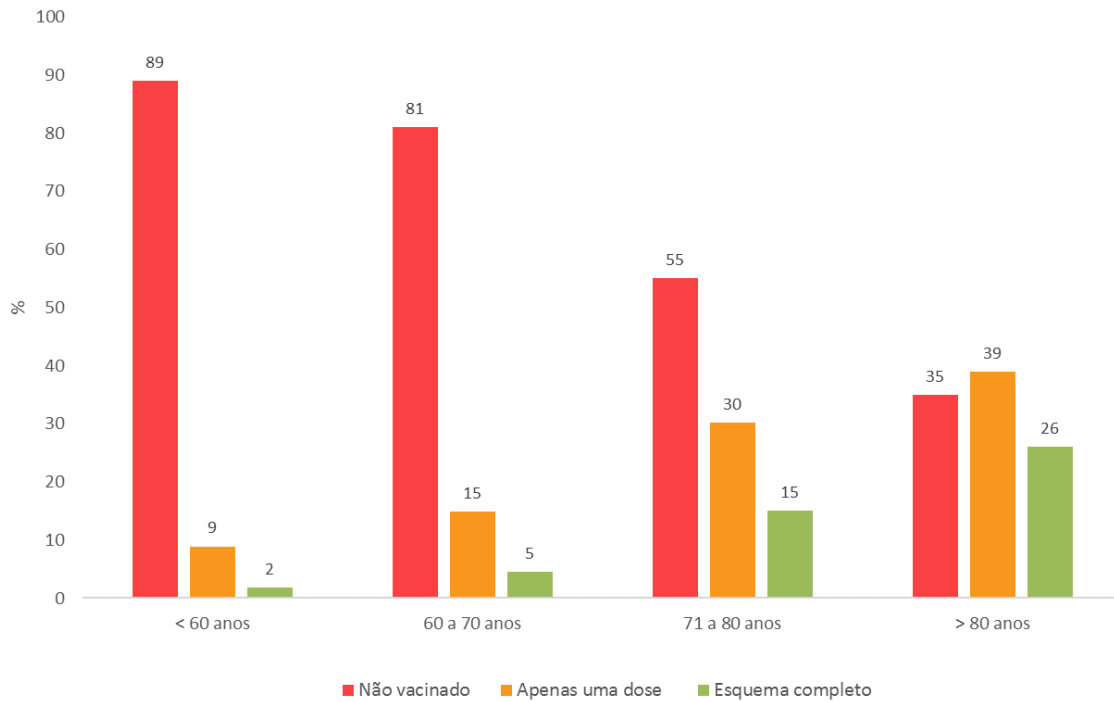
Figura 7 – Informações sobre o esquema vacinal entre os pacientes que tiveram evolução clínica classificada como “óbito” entre os casos com variante identificada, notificadas à SES-MG.



Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

Quando avaliamos o esquema vacinal em relação às faixas etárias é possível verificar que entre as pessoas com menos de 60 anos, a maioria (98%) não estava vacinada ou tinha apenas uma dose da vacina. Esse mesmo padrão é observado para as demais faixas etárias, entretanto, a medida que a faixa etária aumenta verificamos um percentual maior de casos de óbito entre as pessoas com esquema vacinal completo chegando a 26% dos casos na faixa etária acima de 80 anos, demonstrando a fragilidade da resposta imune entre os idosos e reforçando a necessidade da dose de reforço para este grupo (**Figura 8**).

Figura 8 - Status da imunização entre os casos de óbito com variantes identificadas e notificadas à SES-MG, por faixa etária



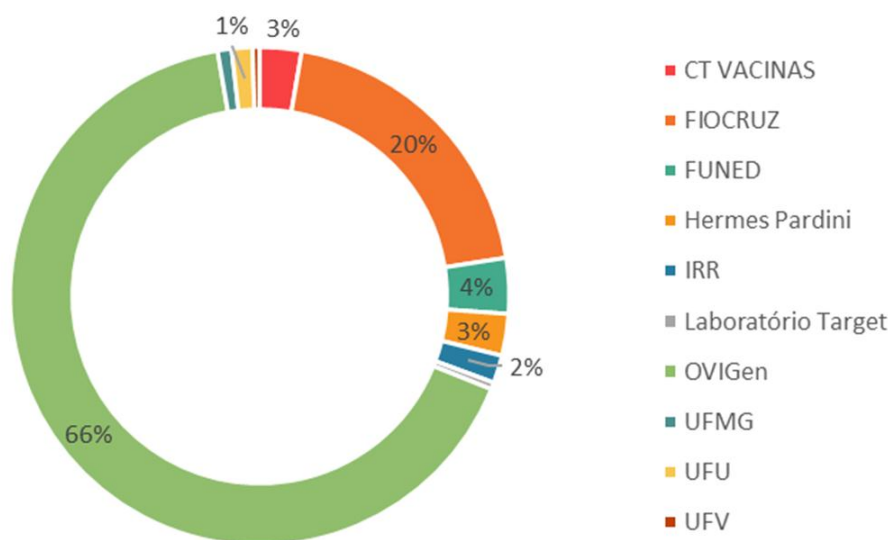
Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

Análise dos casos da VOC Delta notificados à vigilância em saúde da SES-MG

A investigação epidemiológica de aproximadamente 48% dos casos ainda estava em aberto quando os dados para elaboração deste documento foram analisados. Desta forma, os dados aqui apresentados podem sofrer alteração ao final da investigação.

O primeiro caso da variante Delta foi notificado em maio de 2021, no município de Juiz de Fora e tratava-se de um caso importando. Em apenas três meses o número de casos ultrapassou 200. De acordo com as notificações recebidas até o dia 31/08/2021, foram identificados 222 casos da variante Delta em 75 municípios do estado. A maioria dos casos foram identificados pelo Observatório de Vigilância Genômica de Minas Gerais (OVIGen) (**Figura 9**).

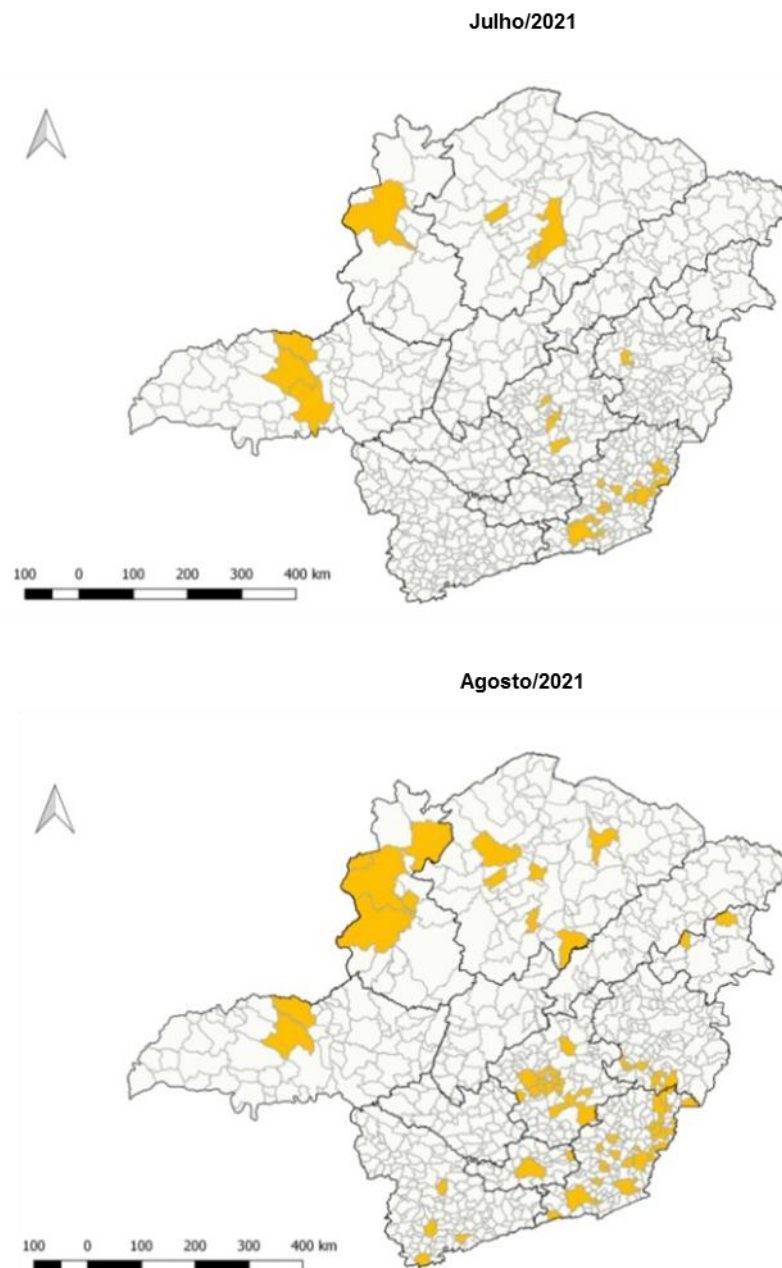
Figura 9 - Proporção de amostras identificadas com a variante Delta em Minas Gerais, notificadas à Secretaria de Estado de Saúde, por laboratório de análise em 2021.



Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

Após a identificação do primeiro caso no mês de maio, foi implementado o OVIGen com objetivo de monitorar, em tempo real, a circulação da variante Delta e outras variantes de interesse epidemiológico no estado. Desta forma, a partir do mês de julho foram analisadas amostras selecionadas aleatoriamente, semanalmente, em Unidades Regionais de Saúde estrategicamente distribuídas no estado. A **Figura 10** mostra a distribuição espacial dos casos notificados por mês de coleta da amostra. Observa-se o aumento da circulação da variante Delta nas Macrorregiões Sudeste, Centro, Nordeste e Norte no mês de agosto.

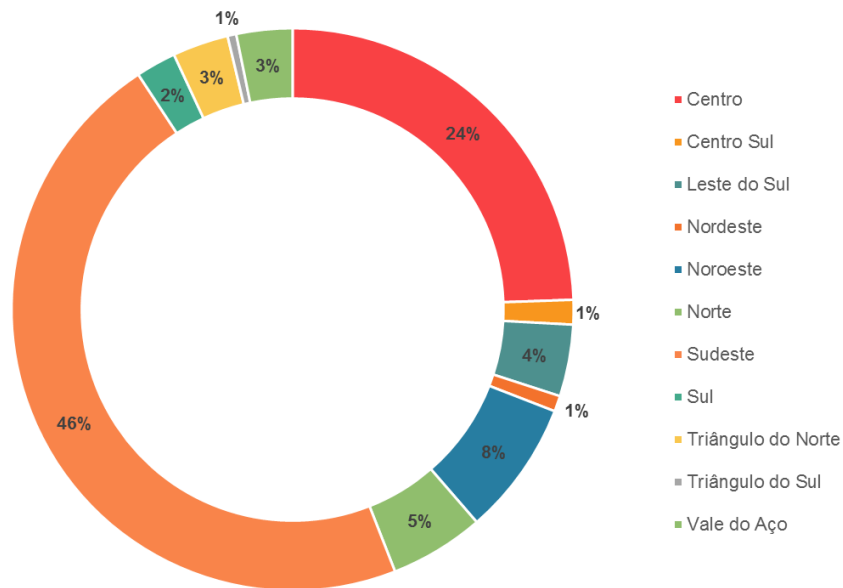
Figura 10 – Distribuição espacial dos casos da variante Delta em Minas Gerais, notificadas à Secretaria de Estado de Saúde, por mês de coleta da amostra.



Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

Apenas em três macrorregionais de saúde (Jequitinhonha, Leste e Oeste) não foram identificados casos da variante Delta entre as notificações recebidas até o mês de agosto. A maior proporção entre os casos notificados equivale a municípios da Macro Sudeste seguido pela Macro Centro (**Figura 11**).

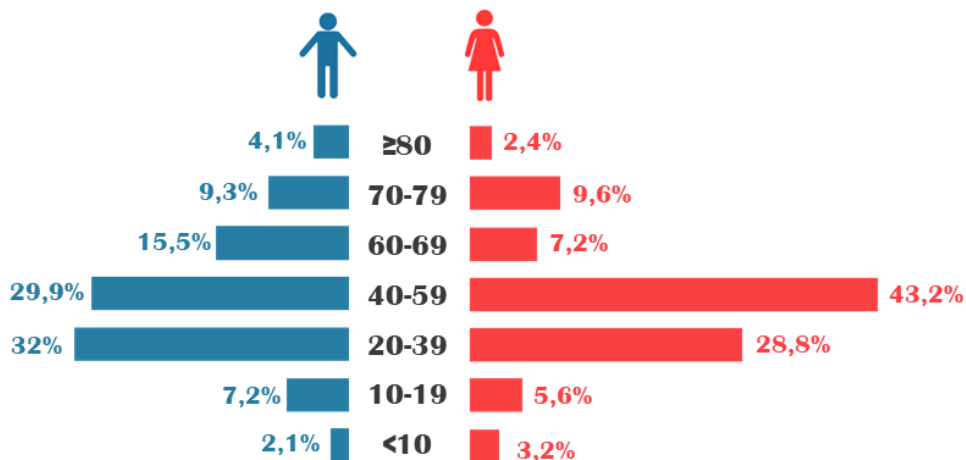
Figura 11 – Proporção de casos notificados da variante Delta, por Macrorregião de saúde.



Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

A faixa etária entre os pacientes com a variante Delta variou entre um mês e 93 anos, com mediana de idade de 46 anos. A faixa etária mais frequente foi a de 20 a 59 anos e as mulheres representam 56% dos casos. Na **Figura 12** é possível observar a pirâmide etária, segundo o sexo, destes pacientes.

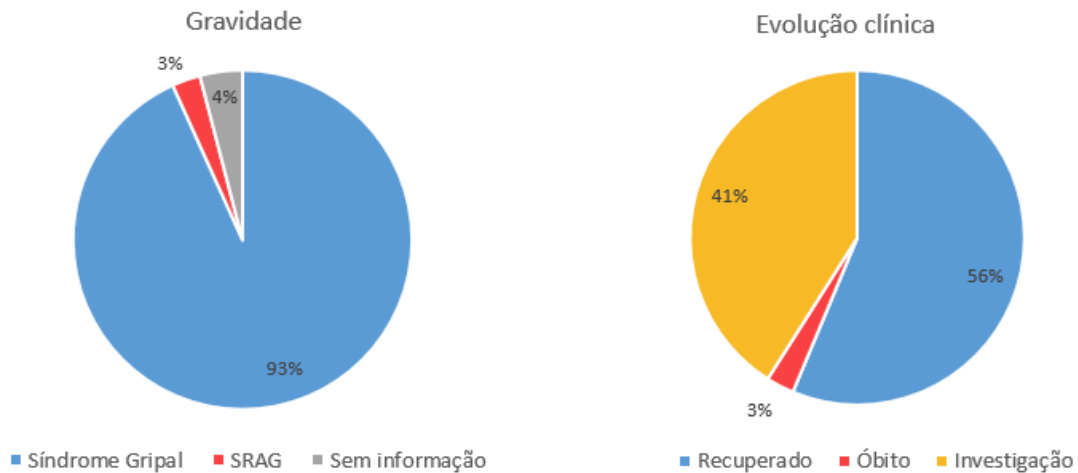
Figura 12 - Pirâmide etária dos indivíduos com amostras identificadas com a variante Delta notificadas à Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais, segundo o sexo



Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

Em relação a gravidade da doença e evolução clínica dos casos da variante Delta, a maioria (93%) apresentou quadro de Síndrome Gripal (SG) e apenas seis pacientes apresentam quadro de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG).

Figura 13 – Informações sobre gravidade e evolução clínica entre os casos identificados com a variante Delta notificados à Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais.



Fonte: Elaborado pela Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância da Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais. Dados notificados até 31/08/2021, sujeitos a atualização.

Os seis pacientes com Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG) tiveram evolução clínica classificada como óbito, esses pacientes tinham entre 49 e 77 anos e quatro eram do sexo feminino. Com relação ao esquema vacinal, três destes casos tinham informação de ciclo vacinal completo, esses pacientes tinham mais de 69 anos e haviam recebido a segunda dose da vacina a mais de quatro meses no momento da internação. Mais uma vez esse dado demonstra a vulnerabilidade dos idosos e evidencia a importância da dose de reforço neste grupo.

Observatório de Vigilância Genômica de Minas Gerais (OViGen-MG)

O Observatório de Vigilância Genômica de Minas Gerais (OViGen-MG) é um grupo de monitoramento constituído pela Secretaria de Estado de Saúde (SES/MG), pela Fundação Ezequiel Dias (FUNED), pelos Laboratórios de Campanha e Rede Corona-Ômica-MCTI (Rede Vírus-MCTI) e pela Cooperativa de Laboratórios da UFMG (Coolabs).

O OViGen-MG tem como objetivo monitorar em tempo real a circulação das variantes do coronavírus em Minas Gerais. Trata-se da continuidade de um projeto de vigilância genômica desenvolvido anteriormente, entre março e abril de 2021, que consistiu em uma colaboração entre os órgãos citados, e que realizou a caracterização genética de 1.199 amostras de coronavírus provenientes de todas as 28 Unidades Regionais de Saúde (URS) que compõem o Estado. Este estudo consistiu na maior amostragem já feita no Estado de Minas Gerais tanto em número de amostras analisadas, quanto em cobertura geográfica. Os resultados indicaram que 98% das infecções foram associadas principalmente às variantes Alfa, Gama e Zeta no período analisado.

Diante da possível emergência de novas variantes do coronavírus, para garantir um monitoramento genético efetivo em Minas Gerais, foi implementado o OViGen-MG. Este projeto conta com financiamento da FUNED, dos Laboratórios de Campanha e Rede Corona-Ômica-MCTI (Rede Vírus-MCTI) e da Cooperativa de Laboratórios da UFMG (Coolabs).

Nesta nova etapa do projeto, tem sido realizado o monitoramento semanal de 200 amostras aleatórias, equivalente a 20 amostras de cada uma das dez Unidades Regionais de Saúde escolhidas, estrategicamente, devido à localização geográfica no território mineiro.

Foram incluídos neste monitoramento aleatório, as regionais de saúde de Belo Horizonte, Coronel Fabriciano, Juiz de Fora, Manhuaçu, Montes Claros, Pedra Azul, Pouso Alegre, Teófilo Otoni, Uberaba e Unaí. Faz-se necessário um maior alerta nestas regiões, uma vez que têm proximidade com cinco outros estados, onde eventualmente tem sido identificada a introdução de novas variantes do SARS-CoV-2.

Como funciona o OViGen-MG?

Na prática, são selecionadas amostras diagnosticadas como positivas para o coronavírus através do RT-PCR, e com carga viral suficiente para caracterização de variantes (Ct < 28). As amostras selecionadas nos laboratórios da Rede Estadual de Referência para diagnóstico da Covid-19 (RedeCOVID), são encaminhadas para o Laboratório de Biologia Integrativa da Instituto de Ciências Biológicas (LBI-ICB) e para o Núcleo de Ações e Pesquisa em Apoio Diagnóstico (NUPAD), ambos da UFMG, onde é feita a caracterização das mutações (N501Y, K417T, E484K e L452R), por RT-PCR.

Esta análise permite a identificação das variantes de atenção/preocupação classificadas pela Organização Mundial da Saúde (Alfa, Gama e Delta). As amostras que apresentam um perfil diferente da análise combinatória das mutações são classificadas como “Outras linhagens”, são então submetidas ao sequenciamento genético do genoma completo do vírus, pelo Serviço de Virologia e Riquetsioses da FUNED e pela UFMG.

A análise de uma maior cobertura do genoma viral possibilita também a identificação e descrição de possíveis novas variantes. O monitoramento em tempo real das variantes em circulação em Minas Gerais contribui para elaboração de estratégias de controle, visando a rápida investigação dos casos e monitoramento dos contatos, medida de contenção da disseminação no território. Além disso, a rápida identificação dessas variantes pode auxiliar no entendimento do cenário epidemiológico, uma vez que podem apresentar especificidades relacionadas ao perfil de transmissão e gravidade da doença.

Variantes do coronavírus: Outras ações desenvolvidas pela SES/MG

A Fundação Ezequiel Dias é a referência de vigilância genômica do Estado e integra a Rede Nacional de Sequenciamento Genético para Vigilância em Saúde nos Laboratórios Centrais de Saúde Pública dos Estados (LACEN).

Além das regionais de saúde selecionadas pelo OViGen-MG, o Centro de Informações Estratégicas em Vigilância em Saúde (CIEVS Minas) solicita amostragem para avaliar o perfil das variantes circulantes em outras regiões do estado, a partir do acompanhamento dos indicadores que demonstram tendência de aumento de casos. Adicionalmente, é realizado contato direto com o CIEVS Nacional/Ministério da Saúde para direcionamento das ações em decorrência de casos confirmados. O fluxo de vigilância genômica no LACEN-MG é descrito no Manual do Diagnóstico da Covid-19, disponível em <https://coronavirus.saude.mg.gov.br/gestor/profissionais2/notas-informativas-alertas-e-outros-documentos#e>.

Para minimizar o risco de disseminação, a SES/MG realiza o monitoramento dos casos confirmados e contatos, além do apoio técnico junto às Secretaria Municipal de Saúde e Unidades Regionais de Saúde para obter mais informações para a investigação epidemiológica.

A SES-MG, através da Coordenação Estadual de Laboratórios e Pesquisa em Vigilância tem realizado a interlocução com o Ministério da Saúde, para fortalecer e ampliar a capacidade de processamento laboratorial e cobertura da vigilância genômica em Minas Gerais. Adicionalmente, outros laboratórios contribuem com a vigilância genômica estadual, dentre eles o CTVacinas da UFMG e o Instituto René Rachou da Fiocruz Minas, que integram a RedeCOVID e realiza amostragem, genotipagem e a notificação imediata dos achados à SES/MG.

Ademais, a Secretaria de Estado de Saúde de Minas Gerais tem adotado estratégias para acelerar a imunização, principal medida de prevenção. É imprescindível também que a população integrante dos grupos prioritários do Programa Nacional de Imunizações (PNI), não deixe de procurar uma unidade de saúde para a vacinação contra a Covid-19, sem esquecer do reforço da segunda dose, já que só com o esquema completo é possível reduzir a transmissão e evitar a forma grave da doença. A SES-MG tem reforçado as recomendações sanitárias como o uso correto de máscaras, lavagem das mãos com frequência e evitar aglomerações.