

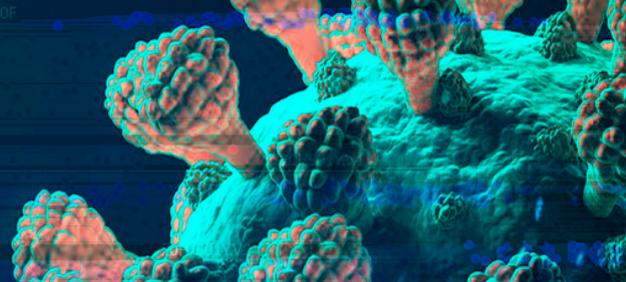
Relatório Técnico de Atualização 12

08 de março de 2022

(Dados de três semanas: 11/02/2022 a 03/03/2022)

Relatório 12
Rede Genômica FIOCRUZ
11 de Fevereiro a 03 de Março de 2022

Este documento fornece uma atualização sobre os dados obtidos pela Rede Genômica FIOCRUZ até 03 de março de 2022.



SUMÁRIO

Lista de Tabelas	3
Lista de Tabelas em Anexos.....	4
Lista de Figuras	5
Resumo.....	6
Destaques	6
1. Produção	7
1.1 Atualização de produção da rede dos últimos quatorze dias	7
1.2 Análise sobre a dinâmica temporal entre coleta de amostras e depósito do genoma no banco de dados GISAID	11
2. Interpretação dos dados	18
Panorama geral sobre variantes do SARS-CoV-2	18
2.1 Variantes sob vigilância	19
2.2 Cobertura de sequenciamento	22
2.3 Vigilância genômica de VOCs e VOIs no Brasil	25
2.4 Alterações na Spike e mudança antigênica ao longo do tempo	30
2.5 Reinfecções	32
2.6 Infecções pós vacina e associação com linhagens de SARS-CoV-2	33
3. Isolados de Linhagens de SARS-CoV-2 e cepas padrão para estudos complementares	34
4. Testes de inferência de VOC por RT-PCR em tempo real	36
5. Protocolos e Adaptações	47
5.1 Plataforma ViralFlow	48
5.2 Ferramenta Helper	48
6. Capacitações e Eventos	50
7. Publicações Acadêmicas	51
7.1 Artigos revisados por pares publicados em periódicos	52
7.2 Pre-prints	56
7.3 Postagens no Fórum Virological.Org	57
8. Website	58
Fontes de dados	61
Referências	62
Elaboração	62
Anexo 01	63
Anexo 02	66

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Estados atendidos pelas unidades de sequenciamento da Fiocruz	7
Tabela 2. Sumário da produção da Rede Genômica Fiocruz	8
Tabela 3. Resumo de valores descritivos sobre o intervalo de tempo entre coleta da amostra e depósito do genoma no GISAID	14
Tabela 4. Número de amostras classificadas como VOC, VOI ou VUM segundo a OMS, conforme dados extraídos do banco de dados EpiCoV da plataforma GISAID	21
Tabela 5. Frequência (%) das principais variantes amostradas em novembro de 2021	29
Tabela 5.1. Frequência (%) das principais variantes amostradas em dezembro de 2021	29
Tabela 5.2. Frequência (%) das principais variantes amostradas em janeiro de 2022	29
Tabela 6. Número de casos investigados (descartados, suspeitos, prováveis e confirmados) de reinfecção por UF	33
Tabela 7. Painel de isolados do Laboratório de Vírus Respiratórios e do Sarampo disponibilizados pela Rede Genômica Fiocruz para Estudos complementares	35
Tabela 8. Compilado de todas as capacitações realizadas entre Julho de 2021 e 13 de Fevereiro de 2022, agrupadas por metodologia.....	50
Tabela 9. Compilado de publicações produzidas por pesquisadores da Rede Genômica Fiocruz desde Junho de 2021.....	51

LISTA DE TABELAS EM ANEXOS

Anexo 1

Tabela 1. Relação de amostras classificadas como VOC pela Organização Mundial da Saúde	65
Tabela 2. Relação de amostras classificadas como VOI pela Organização Mundial da Saúde	65
Tabela 3. Relação de amostras Classificadas como “Sob Monitoramento” (VUM) pela Organização Mundial da Saúde	65

Anexo 2

Tabela 1. Frequência de mutações novas (não características) na Spike da VOC Gama no Brasil e no mundo referentes a todo o período de amostragem	67
Tabela 2. Frequência de mutações novas (não características) na Spike da VOC Gama no Brasil e no mundo referentes aos últimos 90 dias de amostragem	68
Tabela 3. Frequência de mutações novas (não características) na Spike da VOC Delta no Brasil e no mundo referentes a todo o período de amostragem	69
Tabela 4. Frequência de mutações novas (não características) na Spike da VOC Delta no Brasil e no mundo referentes aos últimos 90 dias de amostragem	70
Tabela 5. Detalhamento dos casos confirmados de reinfeção com primeira e segunda amostras sequenciadas	71
Tabela 6. Detalhamento da linhagem da segunda amostra referente a o potencial caso de reinfeção	74
Tabela 7. Iniciativas de Capacitação de Colaboradores realizadas pela Rede Genômica Fiocruz desde o princípio do projeto	75

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Sumário da produção de genomas enviados em relatório	9
Figura 2. Sumário da produção de genomas depositados no GISAID pelas unidades da Fiocruz	10
Figura 3. Intervalo (dias) entre coleta da amostra e depósito do genoma no GISAID para amostras brasileiras	12
Figura 4. Intervalo (dias) entre coleta da amostra e depósito do genoma no GISAID para amostras coletadas nos 26 estados brasileiros e Distrito Federal	13
Figura 5. Intervalo (dias) entre coleta da amostra e depósito do genoma no GISAID para amostras brasileiras agrupadas por mês de coleta	15
Figura 6. Intervalo (dias) entre coleta da amostra e depósito do genoma no GISAID para amostras dos 26 estados brasileiros mais Distrito Federal, agrupadas por mês de coleta	16
Figura 7. Porcentagem do total de genomas depositados no GISAID pelos casos de COVID-19 confirmados, sobreposto ao total de casos confirmados de COVID-19, por região	23
Figura 8. Genomas depositados no GISAID pela Rede Fiocruz e outras instituições, por data de coleta da amostra em diferentes regiões do Brasil	24
Figura 9. Diversidade de VOCs e VOIs encontradas no Brasil a partir de novembro de 2020	27
Figura 10. Heatmap demonstrando visualmente as frequências de detecção de mutações da glicoproteína Spike em sequências de genomas analisados, pertencentes à Variante de Preocupação (VOC) Ômicron.....	30
Figura 11. Heatmap demonstrando visualmente as frequências de detecção de mutações da glicoproteína Spike em sequências de genomas analisados, pertencentes à Variante de Preocupação (VOC) Delta	31
Figura 12. Testes de Inferência de VOCs por RT-PCR em tempo real (4plex* ou TaqPath**) por Unidade Federativa	37
Figura 13. Mapa de aplicação de testes de Inferência de VOCs por RT-PCR em tempo real	46
Figura 14. Gráfico demonstrando os acessos do site da Rede Genômica Fiocruz de sua criação até 03 de Março de 2022	59
Figura 15. Gráfico demonstrando o número de usuários únicos do site da Rede Genômica Fiocruz de sua criação até 03 de Março de 2022	60
Figura 16. Gráfico demonstrando os países de origem dos acessos ao site da Rede Genômica Fiocruz e as páginas mais comumente visitadas	61

Resumo:

Relatório do período de 11/02/2022 a 03/03/2022, com atualizações sobre a situação das linhagens e variantes do SARS-CoV-2 baseadas nos resultados da Rede Genômica Fiocruz, seus parceiros (<http://www.genomahcov.fiocruz.br/a-rede/>) e também por outras iniciativas brasileiras. Dados computados semanalmente no <http://www.genomahcov.fiocruz.br/dashboard/> com a obtenção de dados da plataforma EpiCoV do GISAID (<https://www.gisaid.org/>). Os dados genômicos produzidos pela rede em sua maioria são montados pela ferramenta ViralFlow disponível em <https://github.com/dezordi/ViralFlow>.

Destaques:

1. Publicações recentes em revistas científicas indexadas:
 - 1.1. Dispersão de sublinhagens Gama (P.1) que carregam mutações próximo ao local de clivagem de furina e deleções no NTD impulsionam a transmissão contínua de SARS-CoV-2 no Amazonas, Brasil (<https://journals.asm.org/doi/10.1128/spectrum.02366-21>);
 - 1.2. Implementação de uma Rede Regional de Vigilância Genômica COVID-19 para a região da América Latina e Caribe (<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0252526>);
 - 1.3. Relato de caso: Isolamento gama SARS-CoV-2 da placenta de um aborto espontâneo no Centro-Oeste, Brasil (<https://doi.org/10.3389/fmed.2022.839389>); e
 - 1.4. Omicron leva a uma fuga generalizada da resposta a anticorpos neutralizantes (<https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.12.046>).
2. Os primeiros genomas da VOC Ômicron no Brasil datam de novembro de 2021 dominando rapidamente o cenário nacional atingindo em fevereiro de 2022 mais de 99,7% dos genomas sequenciados (BA.1, BA.1.1 e BA.2), destes 10 casos foram de reinfeção por Omicron BA.1 com desfecho clínico brando sendo documentadas as linhagens de ambas as infecções;
3. As primeiras BA.2 foram reportadas no país nos estados de São Paulo, Santa Catarina e Rio de Janeiro entre final de dezembro 2021 e Janeiro 2022, mas parece estar circulando de forma basal (21 genomas reportados);
4. Para uma vigilância genômica em tempo real precisamos reduzir o tempo entre a coleta da amostra e o depósito do genoma no GISAID. Neste relatório a mediana deste intervalo foi de 59 dias com diferenças significativas entre as Unidades Federativas.
5. A versão em inglês do dashboard <http://www.genomahcov.fiocruz.br/dashboard-en/> concentrou em menos de 30 dias no ar um total de 237 acessos.

1. PRODUÇÃO

1.1 Atualização de produção da rede dos últimos 21 dias

O fluxo de amostras por unidade federada (UF) têm sido realizado para as unidades de sequenciamento da FIOCRUZ de acordo com o esquema mostrado na **Tabela 1** abaixo:

Tabela 1. Estados atendidos pelas unidades de sequenciamento da Fiocruz.

Unidade Fiocruz	Estados que atendem
FIOCRUZ-AM	AC, AM, RO, MS e RR
FIOCRUZ-RJ	RS, SC, PR, DF, MT, SE, MA, SP, AP, TO, RJ, ES, SP, PA, GO e PB
FIOCRUZ-BA	BA
FIOCRUZ-CE	CE
FIOCRUZ-PI	PI
FIOCRUZ-PE	PE e AL
FIOCRUZ-PR	PR
FIOCRUZ-MG	MG

A Rede Genômica Fiocruz já produziu e enviou para as vigilâncias e laboratórios estaduais **560** relatórios que continham um total de **36.476** genomas (**Tabela 2**). A produção de genomas por unidade da FIOCRUZ pode ser observada na **Figura 1**. Destes genomas **34.647** já foram depositados na base de dados EpiCoV do GISAID pelas 8 unidades de sequenciamento da Fiocruz (**Figura 2**).

Os estados que aparecem com zero são: Mato Grosso e Distrito Federal, estes foram contactados entre os dias 14/01 a 20/01/22 e aguardamos o envio. A implementação do sequenciamento nos LACENs não impede o envio de amostras para as unidades da FIOCRUZ, estamos juntos para unir esforços e aumentar a vigilância genômica no país.

A produção completa da Rede Genômica FIOCRUZ engloba também a ação de instituições parceiras, descritas em <http://www.genomahcov.fiocruz.br/a-rede/>.

Tabela 2. Sumário da produção da Rede Genômica Fiocruz, combinando os dados de sequenciamento e emissão de relatórios de todas as Unidades que compõem a Rede.

Dados referentes ao intervalo de Junho de 2021 até 10 de Fevereiro de 2022 *	Total		Junho		Julho		Agosto		Setembro		Outubro		Novembro		Dezembro		Janeiro		Fevereiro (Até 10/02)		Março (de 11/02 a 03/03)	
	Genomas	Relatórios	Genomas	Relatórios	Genomas	Relatórios	Genomas	Relatórios	Genomas	Relatórios	Genomas	Relatórios	Genomas	Relatórios	Genomas	Relatórios	Genomas	Relatórios	Genomas	Relatórios	Genomas	Relatórios
AC	78	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	78	1	0	0
AL	1191	28	189	3	26	5	152	3	1	1	153	5	253	4	71	2	16	2	330	3	0	0
AP	487	16	0	0	94	2	84	3	81	2	43	2	74	2	44	2	26	1	25	1	16	1
AM	5367	13	4	2	1112	1	0	0	489	1	1160	1	63	1	427	1	1226	3	886	2	0	1
BA	2867	46	170	5	12	5	9	3	7	4	212	4	149	6	1053	6	901	8	171	3	183	2
CE	4462	32	65	4	402	4	390	4	201	4	204	4	499	3	198	1	1098	4	888	2	517	2
ES	1353	19	123	1	47	3	112	3	379	6	217	2	108	1	42	1	325	2	0	0	0	0
GO	908	25	2	1	14	3	19	3	174	4	38	1	195	4	142	3	186	3	2	1	136	2
MA	303	14	10	3	130	4	21	3	0	0	80	2	61	1	0	0	1	1	0	0	0	0
MT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MS	445	6	0	1	1	1	0	0	2	1	66	1	132	1	0	0	244	1	0	0	0	0
MG	1615	13	132	2	69	1	16	1	1	1	79	1	78	1	503	2	440	2	161	1	136	1
PA	1073	29	146	4	63	2	3	3	93	3	56	3	152	2	183	3	210	3	64	3	103	3
PB	1530	26	52	2	12	1	115	3	261	6	81	2	476	3	252	4	68	3	213	2	0	0
PR	2936	41	272	6	170	7	62	4	89	3	89	2	144	2	924	3	736	10	450	4	0	0
PE	3217	28	0	1	614	3	773	4	148	4	230	2	168	2	196	4	637	4	132	1	319	3
PI	153	3	0	0	0	0	0	0	130	2	0	0	0	0	23	1	0	0	0	0	0	0
RJ	3017	68	574	7	198	11	252	6	350	12	154	7	105	3	417	4	376	8	349	5	242	5
RN	560	20	92	2	0	0	30	3	37	3	145	4	9	1	19	2	23	3	0	0	205	2
RS	971	27	228	3	77	5	60	4	61	2	115	2	1	1	188	5	5	1	17	2	219	2
RO	530	6	0	0	0	0	25	1	73	1	0	0	94	1	33	0	126	2	179	1	0	0
RR	325	4	0	0	0	0	0	0	131	1	0	0	134	1	0	0	60	2	0	0	0	0
SC	1854	50	335	5	86	7	99	5	196	9	61	4	235	4	218	3	344	6	78	3	202	4
SP	564	13	170	2	172	5	20	2	129	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	73	1
SE	330	13	136	1	20	1	0	1	50	2	27	2	6	1	21	1	9	1	31	2	30	1
TO	340	19	7	1	17	3	14	3	17	2	0	0	0	0	12	1	124	4	25	2	124	3
DF	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Total	36476	560	2707	55	3336	73	2256	62	3100	77	3210	51	3058	45	4966	49	7181	74	4079	39	2505	33

* Divergência dos números de produção da rede apresentados acima com os dados depositados do GISAID são esperados devido não deposição de alguns genomas devido com qualidade mínima abaixo do esperado e ao atraso na deposição do dado.

Figura 1. Sumário da produção de genomas enviados em relatório pelas unidades da Fiocruz, referentes aos últimos 21 dias (11/02/2022 até 03/03/2022)

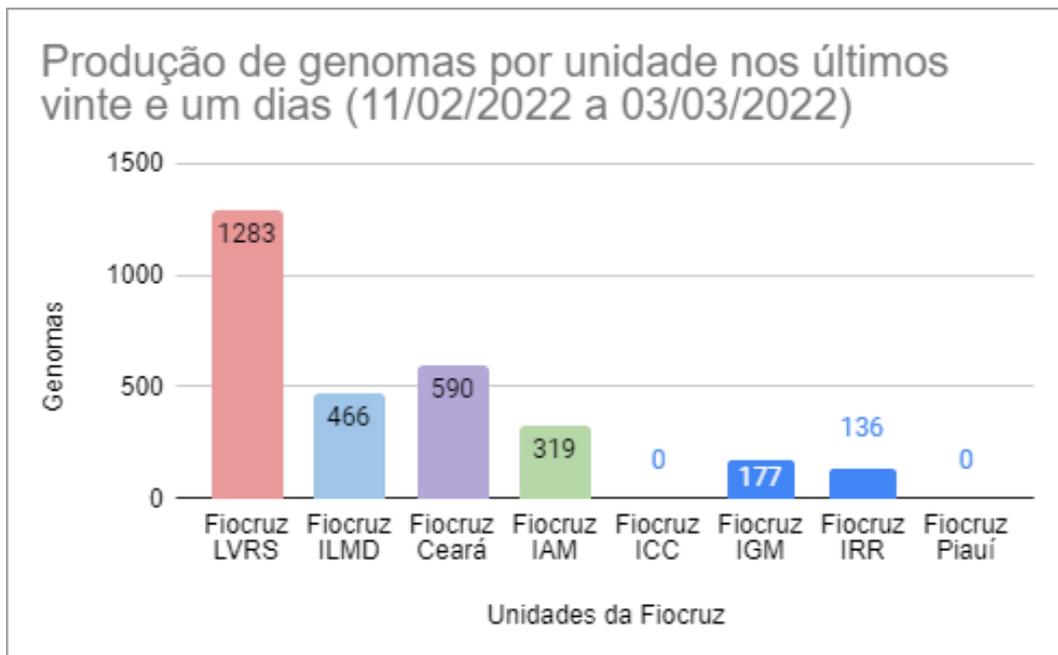
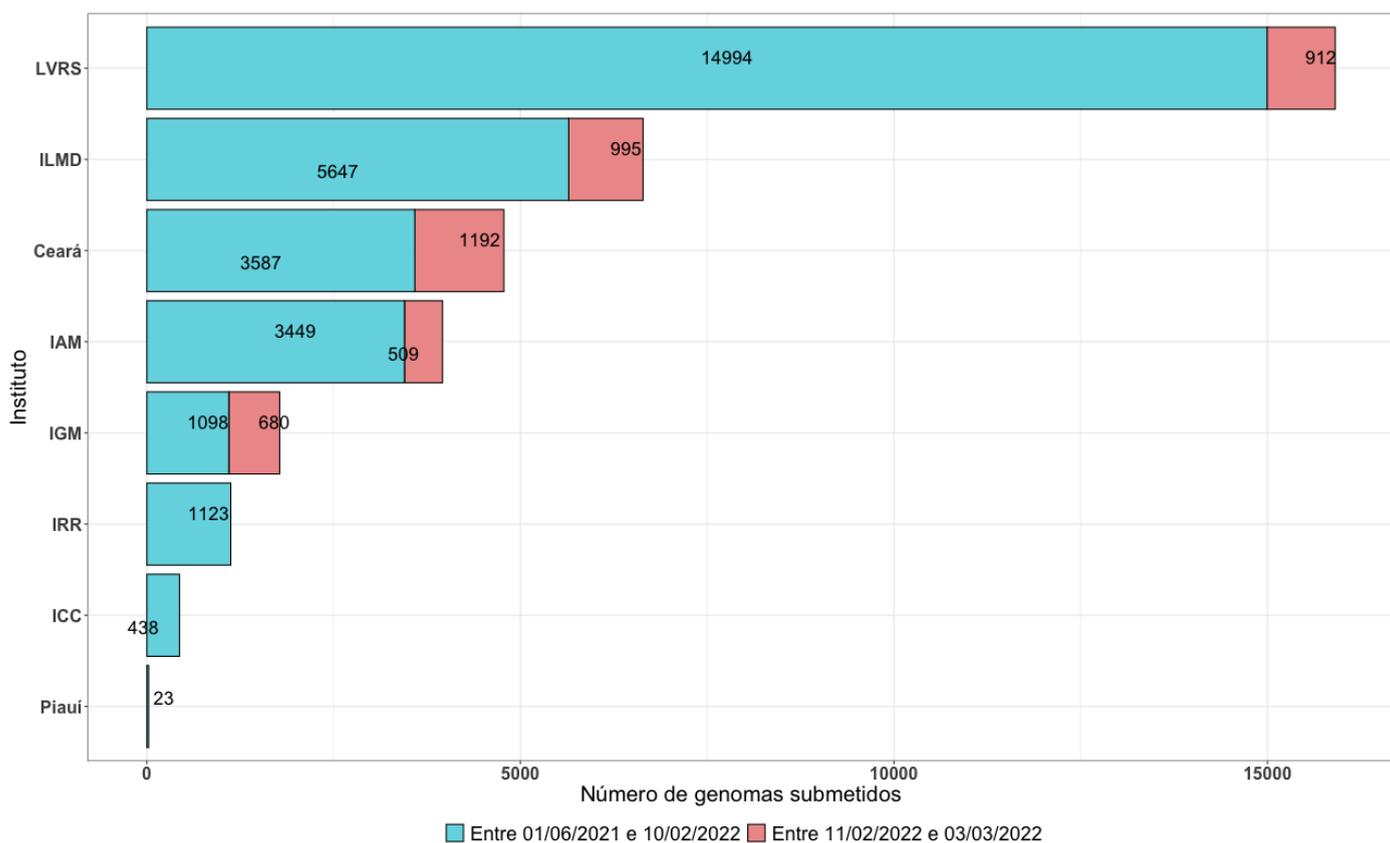


Figura 2. Sumário da produção de genomas depositados na plataforma EpiCoV do GISAID pelas unidades da Fiocruz.



Dados atualizados em 03/03/2022

1.2 Análise sobre a dinâmica temporal entre coleta de amostras e depósito do genoma no banco de dados GISAID

Nesta edição do relatório voltamos a apresentar uma análise detalhada sobre a capacidade da vigilância genômica do SARS-CoV-2 no Brasil, gerar resultados e informar os gestores em saúde pública de forma rápida e em tempo oportuno. Em resumo, analisamos o intervalo de tempo entre a data da coleta da amostra e do depósito do genoma gerado a partir desta amostra no banco de dados GISAID. Os dados analisados são de todos os genomas de amostras de brasileiros disponíveis no GISAID, ou seja, representa a produção de todas as redes genômicas atuantes no Brasil.

A **Figura 3** mostra a distribuição deste intervalo de tempo que tem como mediana 49 dias e média 76,9 dias. Entretanto podemos observar que a distribuição tende a se acumular em valores próximos a 30 dias e que tanto a média quanto a mediana são influenciadas por algumas amostras que demoram muitos dias para serem sequenciadas, produzindo uma longa cauda para a direita no gráfico. Essa cauda é causada por estudos retrospectivos que investigam e sequenciam amostras antigas e não representam necessariamente ações em vigilância genômica em tempo real. A **Figura 4** mostra a distribuição do intervalo de tempo entre coleta da amostra e depósito do genoma para os diferentes estados brasileiros e Distrito Federal e **Tabela 3** descreve os valores da mediana e média desse intervalo de tempo.

Figura 3. Intervalo (dias) entre coleta da amostra e depósito do genoma no GISAID para amostras brasileiras

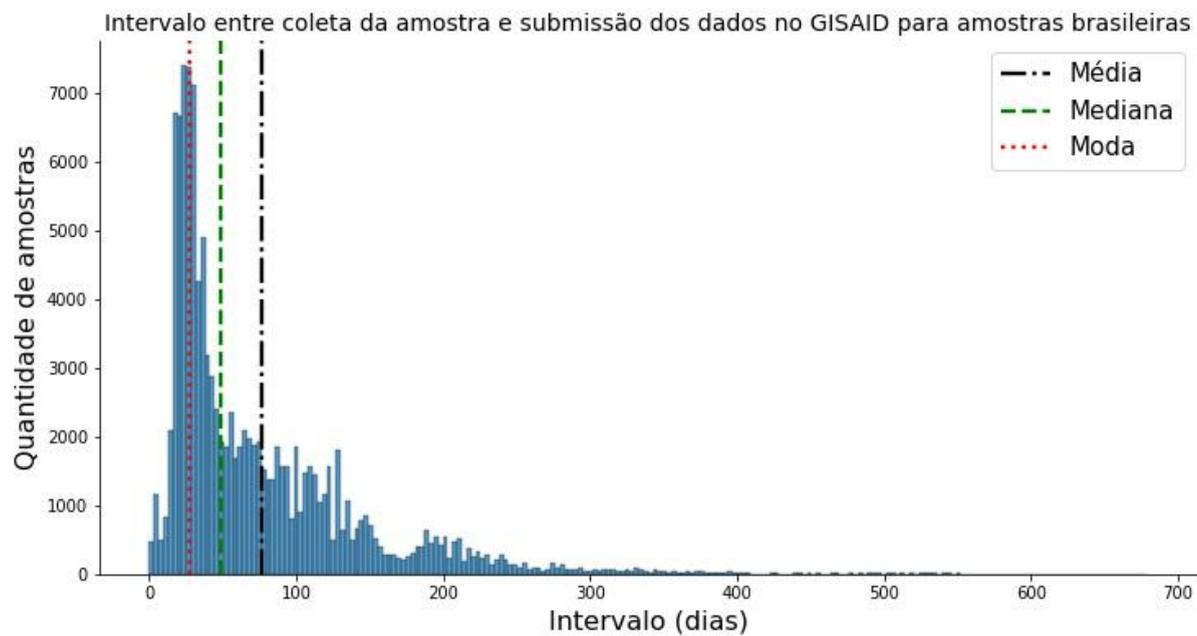


Figura 4. Intervalo (dias) entre coleta da amostra e depósito do genoma no GISAID para amostras coletadas nos 26 estados brasileiros e Distrito Federal.

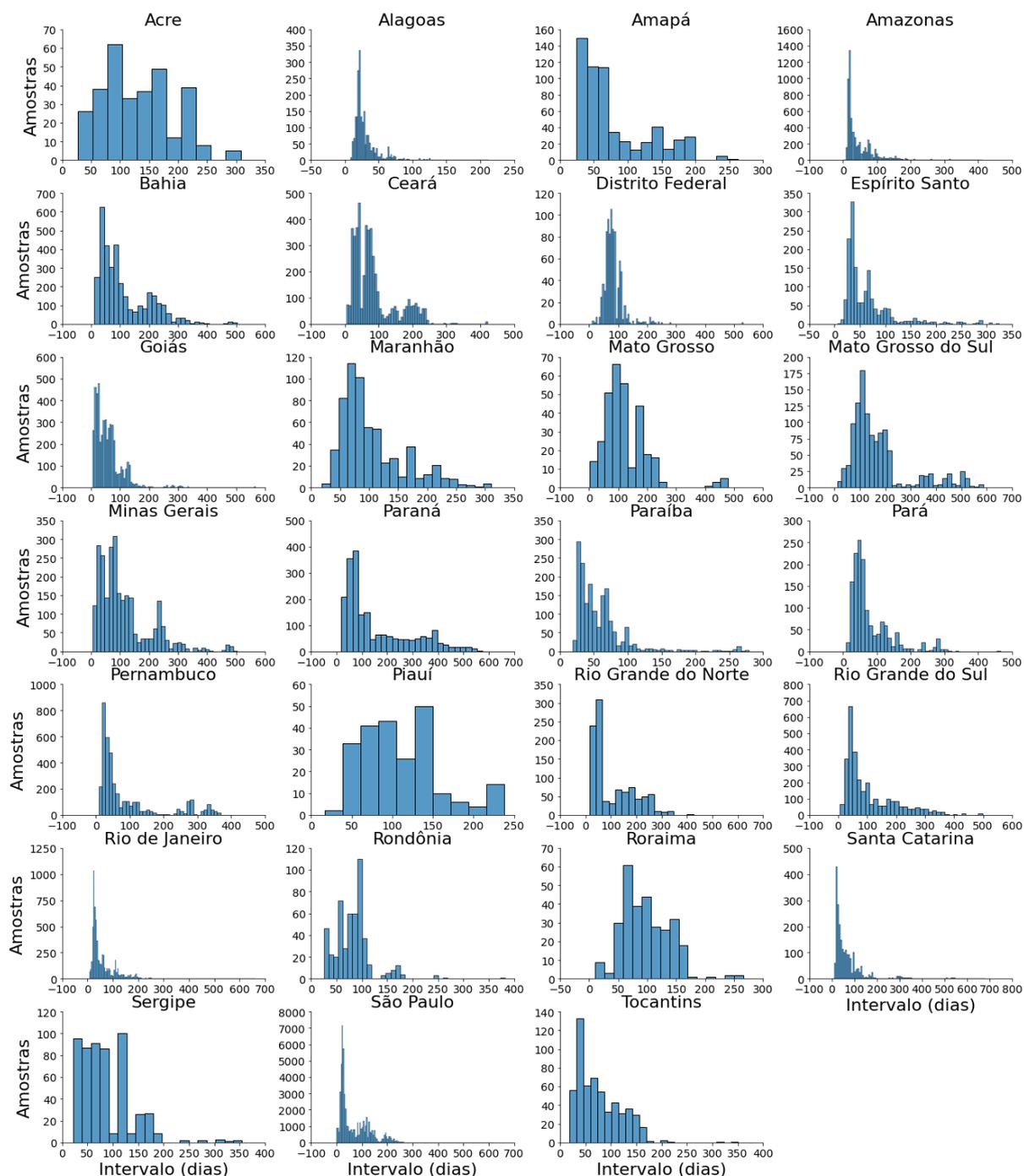


Tabela 3. Resumo de valores descritivos sobre o intervalo de tempo entre coleta da amostra e depósito do genoma no GISAID.

Local da coleta	Depósitos no GISAID	Intervalo entre coleta e submissão (dias)		
		Mediana	Média	Desvio padrão
Brasil	118168	49	76,9	73,5
Acre	309	127	131,2	61,2
Alagoas	2058	47	60,9	38,9
Amapá	585	57	78,1	51,9
Amazonas	5976	28	49,5	48,6
Bahia	3455	81	111	86
Ceará	4673	68	83,8	62,5
Distrito Federal	862	78	83,8	35
Espírito Santo	1552	44	63,1	49
Goiás	4944	49	59,4	50,1
Maranhão	612	85,5	104,7	55,1
Mato Grosso	313	107	123,9	78,9
Mato Grosso do Sul	1166	134	173,6	119,9
Minas Gerais	2601	86	113	91,5
Paraná	4055	103	159,6	133
Paraíba	1734	47	58,7	40,1
Pará	1437	56	79	62,2
Pernambuco	3845	44	88,1	95,5
Piauí	229	104	110,3	47,8
Rio Grande do Norte	1006	57	107,9	87,4
Rio Grande do Sul	2994	65	106	91
Rio de Janeiro	12814	37	65,6	69,3
Rondônia	505	82	82,5	37,6
Roraima	296	92	98,7	41,2
Santa Catarina	4462	46	74,2	83,1
Sergipe	546	74	87,3	51
São Paulo	54186	37	68,3	60,9
Tocantins	709	66	77,1	43,2

Para entendermos melhor como as ações em vigilância genômica tem atuado para diminuir o atraso entre coleta e depósito dos genomas, analisamos a variação deste intervalo de tempo nos diferentes meses da pandemia no Brasil (**Figura 5**). É possível observar uma constante queda neste intervalo de tempo a partir do mês de outubro de 2020 e que nos meses mais recentes (janeiro e fevereiro) ele fica abaixo de 30 dias. A **Figura 6** detalha esta dinâmica temporal para os diferentes estados do Brasil.

Figura 5. Intervalo (dias) entre coleta da amostra e depósito do genoma no GISAID para amostras brasileiras agrupadas por mês de coleta. Box-plot mostrando a mediana (linha horizontal), percentil 25% - 75% (retângulo colorido), valores máximos e mínimos (linhas verticais) e possíveis valores atípicos (pontos).

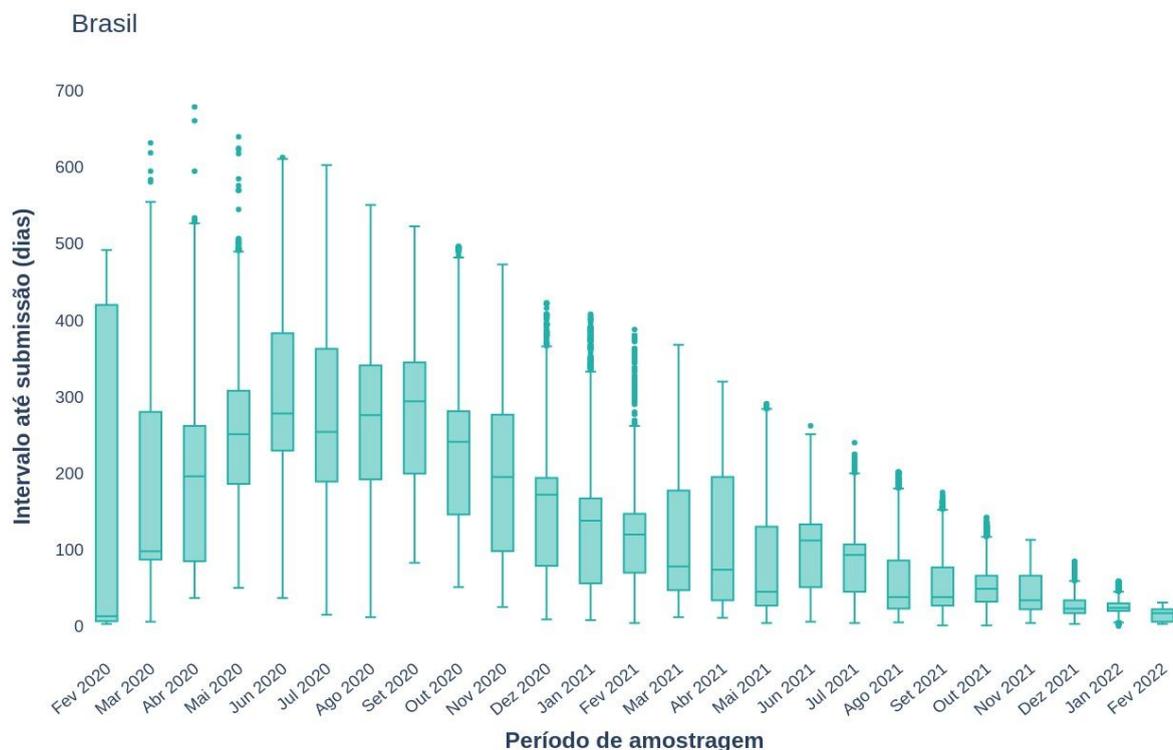
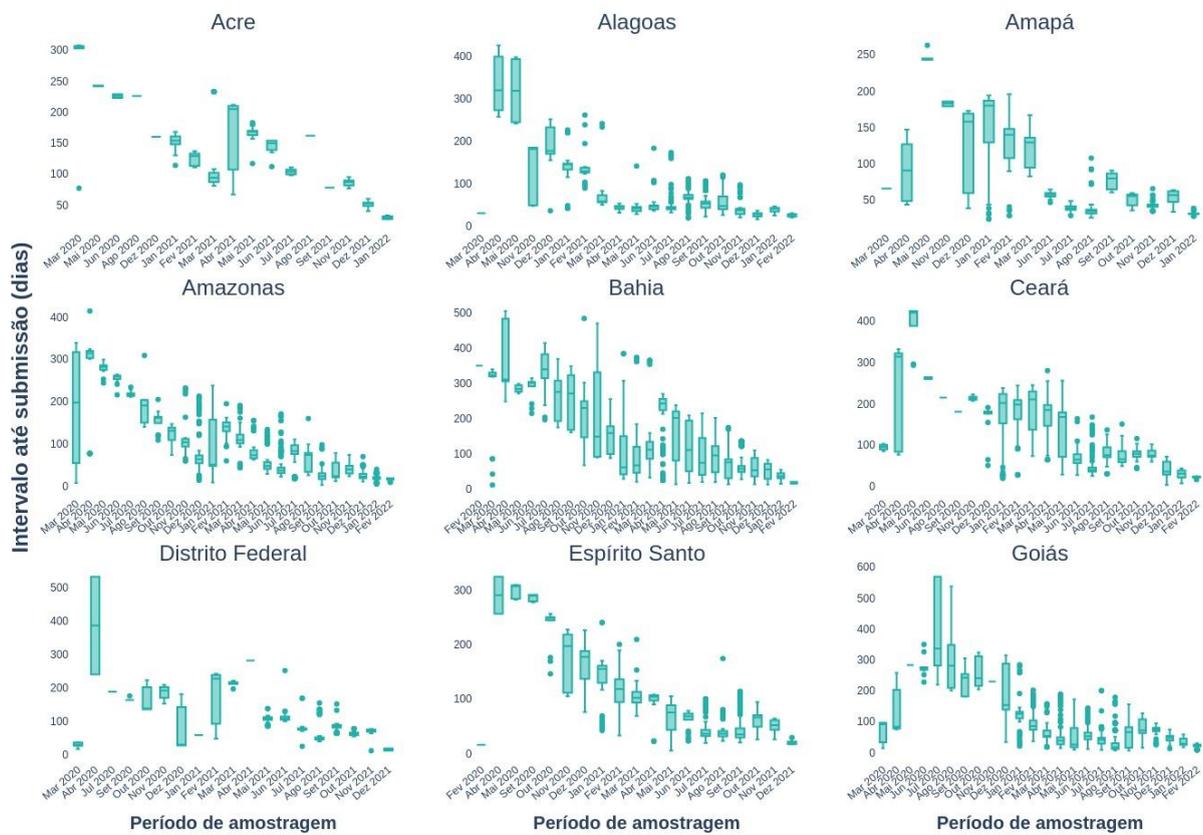
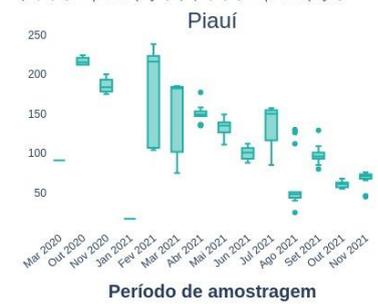
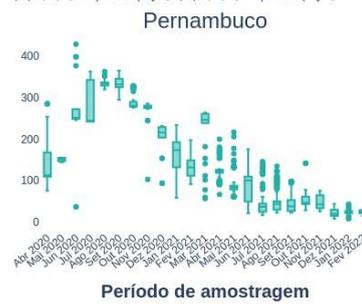
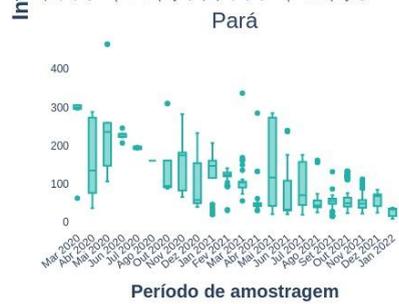
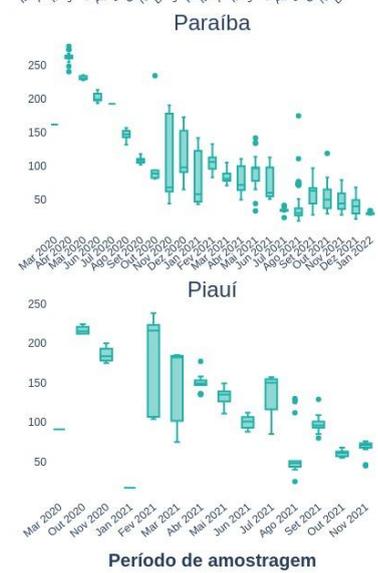
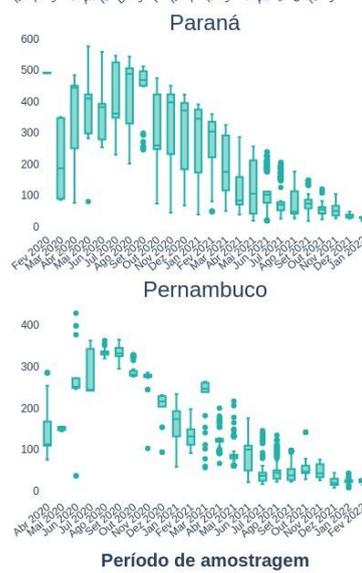
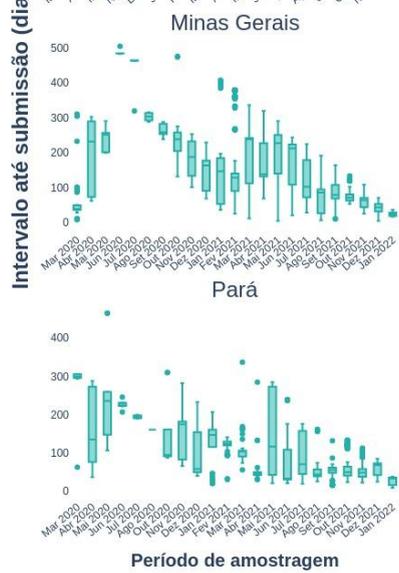
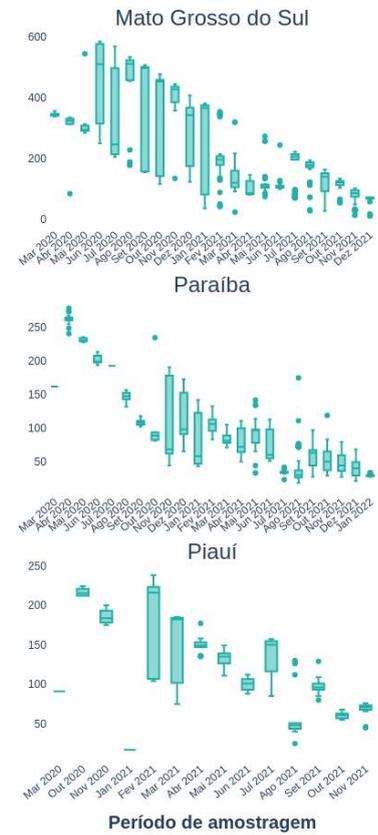
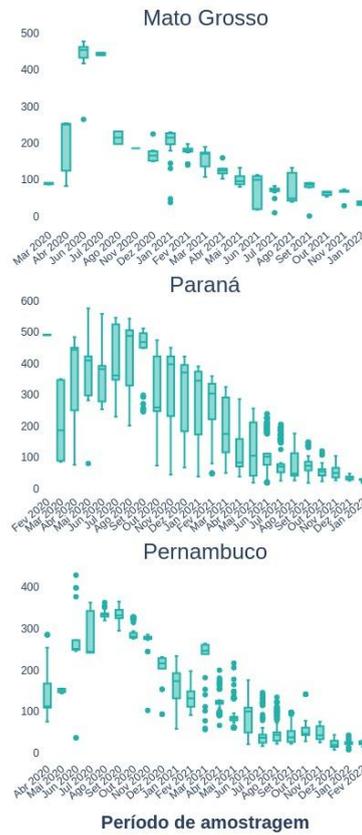
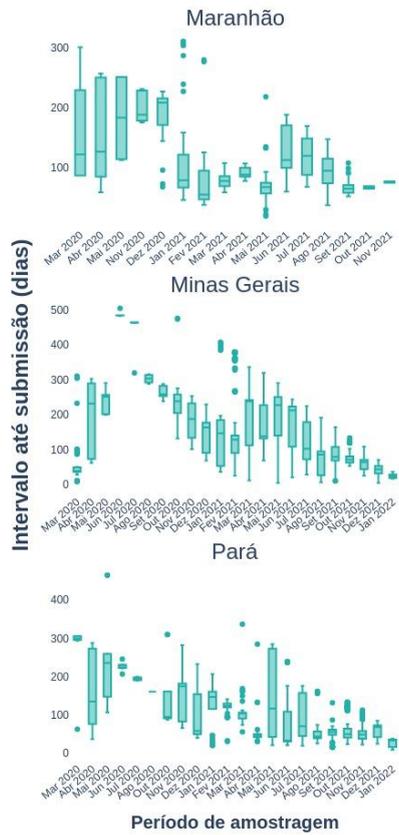
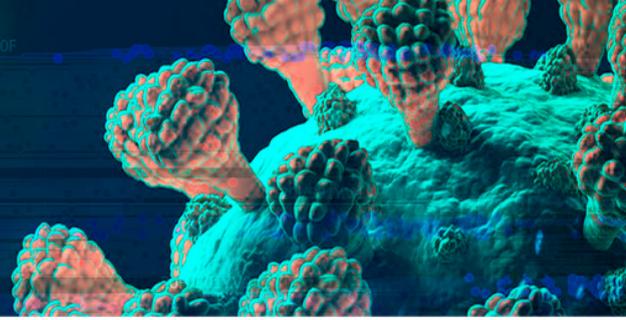
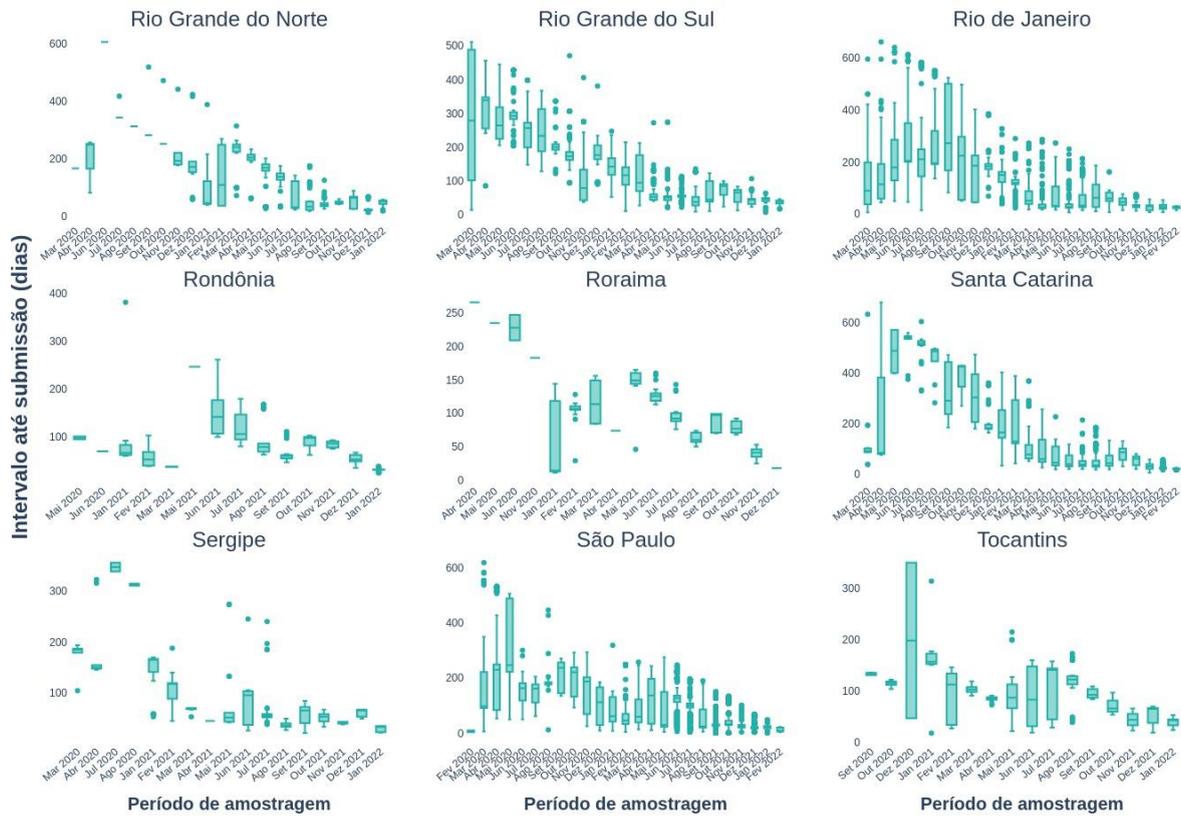
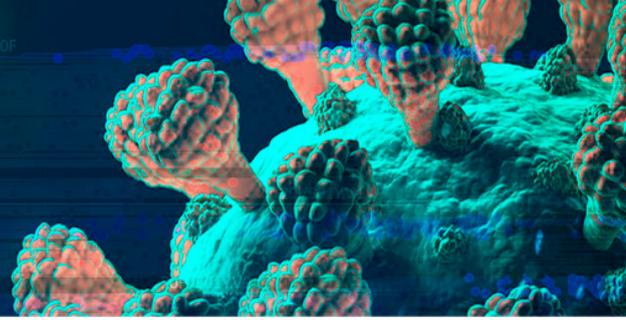


Figura 6. Intervalo (dias) entre coleta da amostra e depósito do genoma no GISAID para amostras dos 26 estados brasileiros mais Distrito Federal, agrupadas por mês de coleta. Box-plot mostrando a mediana (linha horizontal), percentil 25% - 75% (retângulo colorido), valores máximos e mínimos (linhas verticais) e possíveis valores atípicos (pontos)







2. INTERPRETAÇÃO DOS DADOS

Panorama geral sobre variantes do SARS-CoV-2

A amostragem utilizada pela Rede Genômica da Fiocruz em apoio à rede nacional de vigilância de vírus respiratórios se baseia em dois pilares fundamentais:

- **amostragem representativa** dos casos positivos para SARS-CoV-2 por teste RT-PCR em tempo real realizados em cada Unidade da Federação (UF);
- **amostragem de eventos inusitados** identificados pelas vigilâncias locais.

Em decorrência da disponibilidade de insumos para realização de sequenciamentos, o nível territorial utilizado para garantir poder estatístico é o das regionais de circulação de casos de SRAG no Brasil (Norte, Centro, Leste e Sul), visando garantir um mínimo de 510 amostras por regional a cada 4 semanas epidemiológicas consecutivas. A seleção de amostras representativas se dá a partir do total de amostras elegíveis por semana de coleta, cuja tabulação é fornecida pelas UF.

As informações obtidas são registradas via GAL e enviadas via relatório para as vigilâncias dos níveis estaduais e nacional. Os genomas produzidos são depositados na plataforma EpiCoV do GISAID (<https://www.gisaid.org/>).

2.1 Variantes sob vigilância

Já foram caracterizadas mais mil de linhagens de SARS-CoV-2 (<https://cov-lineages.org/lineages.html>), porém apenas uma parcela destas tiveram e têm impacto significativo verificado na saúde pública no decorrer da pandemia. Este impacto se dá devido a características como maior capacidade de transmissão e infecção, maior

capacidade de escape de anticorpos ou uma combinação destas, características que podem estar presentes em outras linhagens e variantes e que, assim que detectadas, devem ser monitoradas com maior cautela e prioridade. As linhagens atualmente reconhecidas como variantes de preocupação definidas pela Organização Mundial de Saúde (OMS) estão disponíveis em <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>.

Até a data do presente relatório, a OMS reconhece 10 variantes de monitoramento prioritário, classificadas em três categorias de risco crescente: Variantes de Preocupação (VOC), Variantes de Interesse (VOI) e Variantes Sob Monitoramento (VUM). Para maiores detalhes sobre estas classificações, além de uma lista atualizada de cada categoria, ver o **Anexo 1** deste relatório.

Abaixo, estão listadas as amostras detectadas no Brasil que pertencem a estas três categorias destacadas pela OMS (**Tabela 4**).

Tabela 4. Número de amostras classificadas como VOC, VOI ou VUM segundo a OMS, conforme dados extraídos do banco de dados EpiCoV da plataforma GISAID. As amostras derivadas das atividades de pesquisa da Rede Genômica Fiocruz estão destacadas em relação ao total de genomas de cada amostra.

Classificação OMS	Nomenclatura OMS	Classificação Pango	Número de Amostras			
			(Fiocruz / Total; 11/02 a 03/03/2022)	(Fiocruz / Total; 03/12/2021 a 03/03/2022)	(Fiocruz / Total; Total do Monitoramento)	
VOC	Alfa	B.1.1.7	0 / 2	5 / 174	98 / 1179	
	Beta	B.1.351	-	-	0 / 10	
	Delta	# AY.*	313 / 540	1884 / 6147	2767 / 13636	
	Delta	AY.101	77 / 111	641 / 1827	1446 / 3637	
	Delta	AY.99.2	731 / 940	4441 / 10068	7904 / 23859	
	Delta	B.1.617,2	0 / 10	8 / 50	26 / 105	
	Gama	P.1	161 / 232	1203 / 1922	9409 / 35501	
	Gama	P.1.1	0 / 7	0 / 11	6 / 35	
	Gama	P.1.2	1 / 1	9 / 22	166 / 604	
	Gama	P.1.3	-	-	29 / 29	
	Gama	P.1.4	-	4 / 11	981 / 1016	
	Gama	P.1.5	-	-	12 / 12	
	Gama	P.1.6	-	42 / 42	546 / 559	
	Gama	P.1.7	137 / 157	236 / 575	947 / 3500	
	Gama	P.1.7.1	-	1 / 1	8 / 9	
	Gama	P.1.8	0 / 1	18 / 32	81 / 243	
	Gama	P.1.9	0 / 1	43 / 47	89 / 277	
	Gama	P.1.10	1 / 1	7 / 12	213 / 370	
	Gama	P.1.10.1	-	-	1 / 1	
	Gama	P.1.11	-	0 / 5	3 / 99	
	Gama	P.1.12	2 / 2	19 / 27	105 / 352	
	Gama	P.1.13	1 / 1	1 / 2	1 / 2	
	Gama	P.1.14	3 / 25	30 / 90	386 / 5202	
	Gama	P.1.15	0 / 1	0 / 1	16 / 41	
	Gama	P.1.16	-	0 / 1	0 / 14	
	Gama	P.1.17	0 / 1	0 / 2	3 / 56	
	Gama	P.1.17.1	-	1 / 1	1 / 3	
	Ômicron	BA.1	2352 / 4571	6476 / 13069	6476 / 13072	
	Ômicron	BA.1.1	495 / 1097	801 / 2193	801 / 2193	
	Ômicron	BA.2	6 / 13	9 / 21	9 / 21	
	VOI	Lambda	C.37	-	-	5 / 22
		Mu	B.1.621	3 / 3	3 / 5	7 / 24
	VUM	n/a	n/a	-	-	-

Dados extraídos do GISAID em 03/03/2022

- Os dados registrados sob a classificação AY.* correspondem à somatória das amostras não características do Brasil.

2.2 Cobertura de sequenciamento

A proporção de casos confirmados de COVID-19 que são destinados ao sequenciamento genômico é um indicador importante para avaliar a capacidade da vigilância genômica em detectar novas variantes/linhagens em tempo oportuno. Estudos indicam que seria necessário sequenciar cerca de 5% de todos os casos positivos para detectar novas linhagens com frequência baixa entre 0,1 e 2% (Vavrek *et al.*, 2021). Até o fechamento deste relatório (03/03/2022), foram contabilizados cerca de 28,9 milhões de casos positivos de SARS-CoV-2 no Brasil e os 117.311 genomas gerados a partir de amostras brasileiras depositados na base de dados EpiCoV do GISAID representam 0,4% de todos os casos. Em dezembro de 2021, a vigilância genômica do SARS-CoV-2 no Brasil foi capaz de sequenciar 2,8% dos casos (**Figura 7**). Em janeiro de 2022, esse percentual caiu para abaixo de 0,5%, devido a um aumento significativo no número de casos. A amostragem de fevereiro de 2022 ainda é pequena (1868 genomas) e a cobertura de sequenciamento deve aumentar conforme novos genomas forem depositados ao longo do período.

Para a construção dos gráficos abaixo (**Figuras 7 e 8**), os dados de cobertura de sequenciamento foram obtidos da plataforma GISAID EpiCoV (<https://www.gisaid.org/>) para amostras brasileiras e os dados de casos confirmados de COVID-19 foram obtidos da plataforma Brasil.IO (<https://brasil.io/datasets/>). Pode haver incoerência entre o número de genomas sequenciados e os casos confirmados mensais, uma vez que não há correção retroativa de casos confirmados na plataforma Brasil.IO. O download de ambos os dados foi feito no dia 05 de março de 2022, e o período de submissão dos genomas foi considerado até 3 de março de 2022.

Figura 7. Porcentagem do total de genomas depositados no GISAID pelos casos de COVID-19 confirmados, sobreposto ao total de casos confirmados de COVID-19, por região. Os dados referentes aos meses de Fevereiro, Março e Abril de 2020 foram omitidos do gráfico.

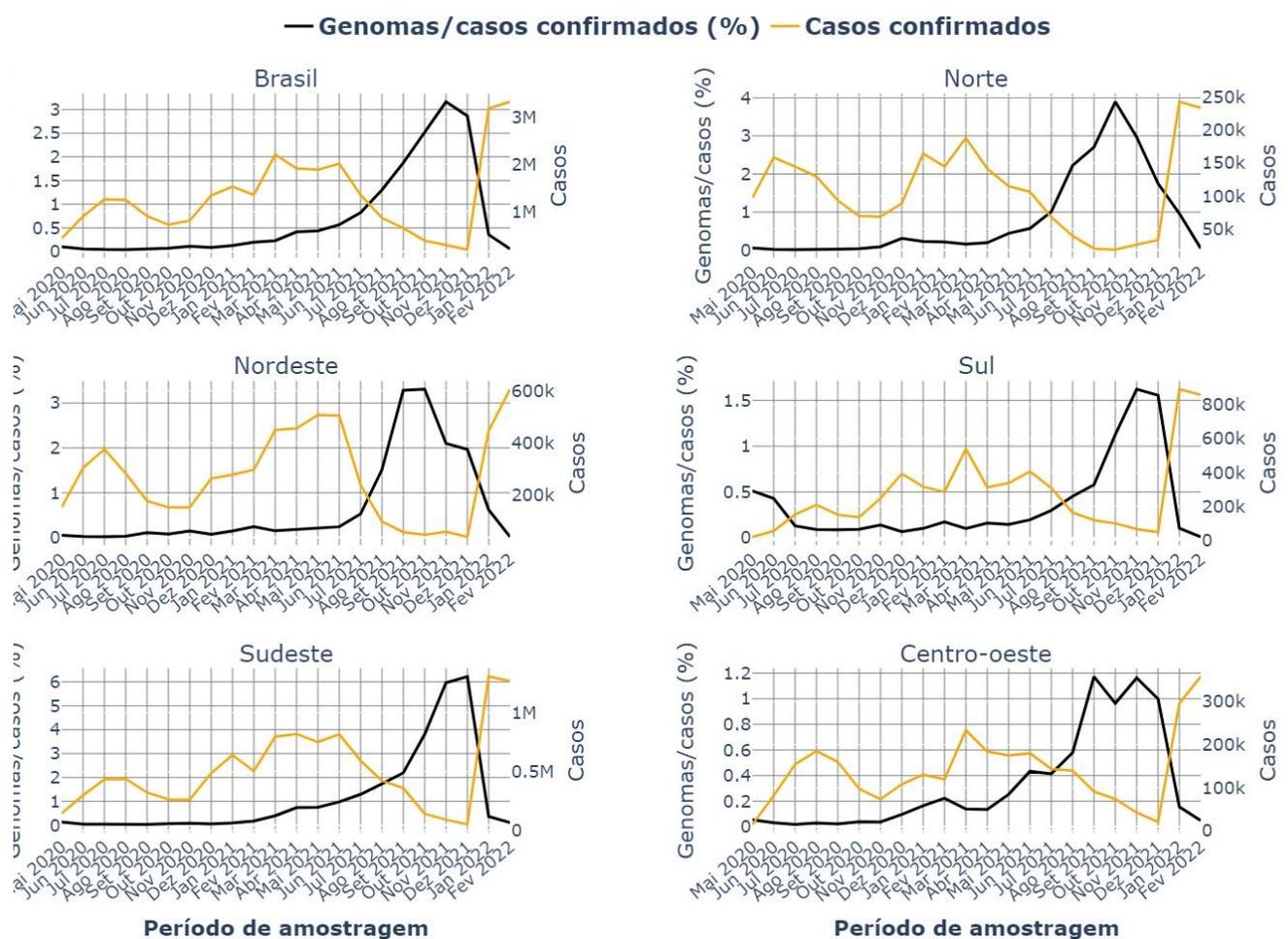
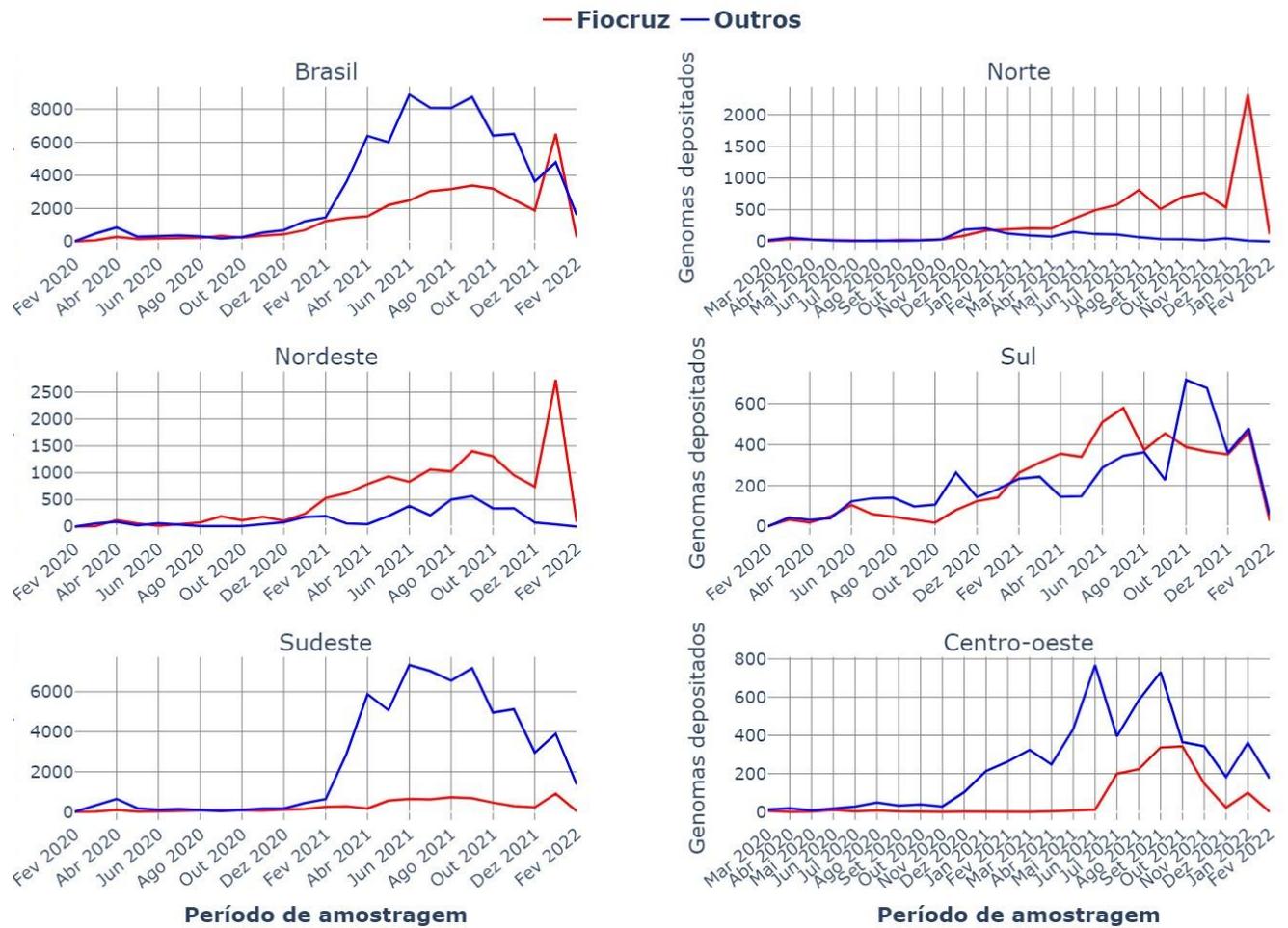


Figura 8. Genomas depositados no GISAID pela Rede Fiocruz e outras instituições, por data de coleta da amostra em diferentes regiões do Brasil.



2.3 Vigilância genômica de VOCs e VOIs no Brasil

O monitoramento apresentado nos gráficos da **Figura 9** se inicia em novembro de 2020 quando emergiu a VOC P.1 (Gama) no Brasil. Esta variante se espalhou rapidamente por todo o Brasil, sendo identificada em 90% de todos os genomas sequenciados no mês de Abril de 2021. O surgimento e disseminação da Gama coincide com a segunda onda de COVID-19 no país. Interessante observar que a VOC Alfa, identificada pela primeira vez no Brasil em dezembro de 2020, não teve grande disseminação em nenhuma das regiões, nunca sendo identificada em mais de 5% dos genomas sequenciados.

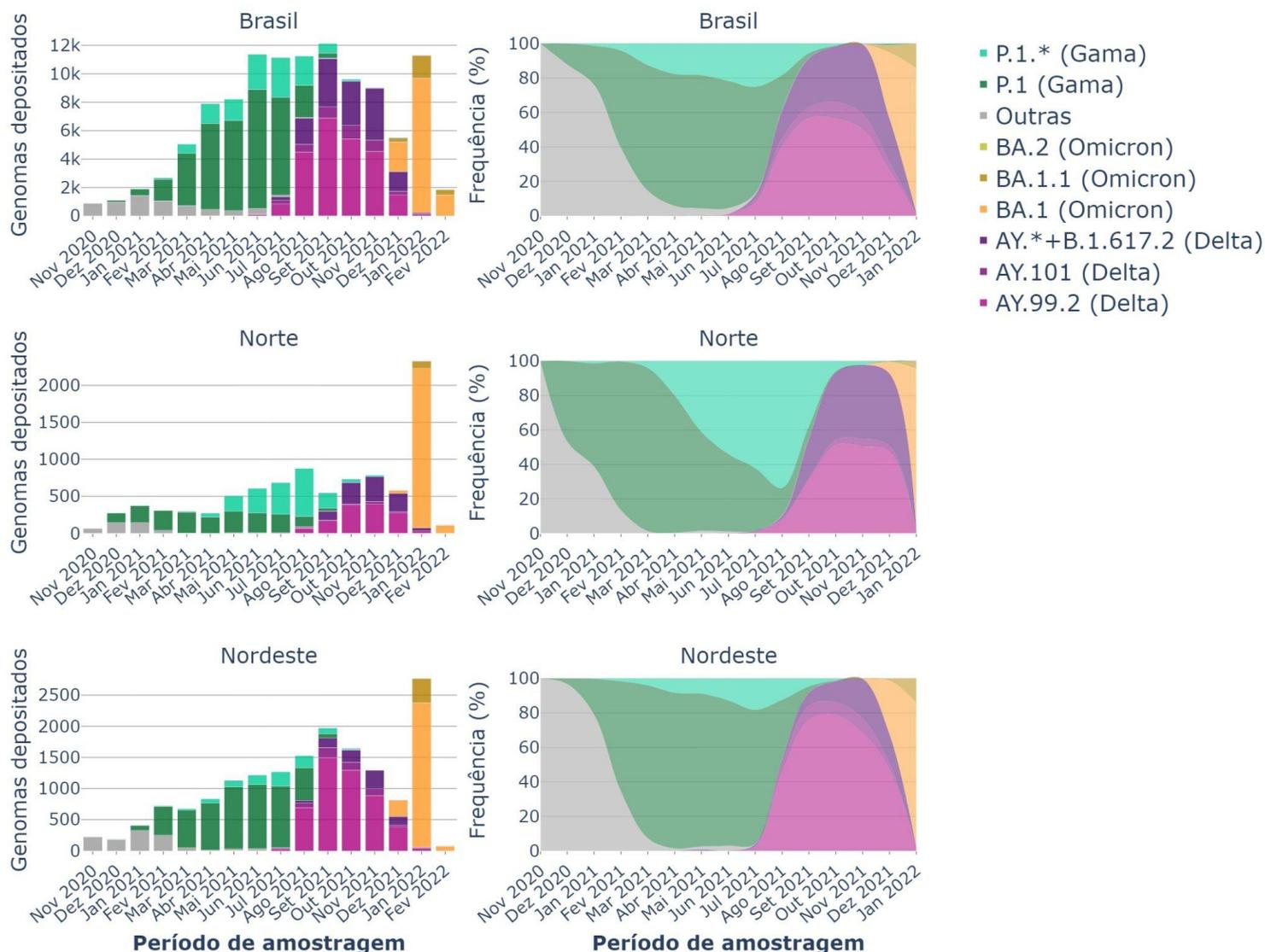
Após a VOC Gama rapidamente se expandir no primeiro trimestre de 2021 e tornar-se a mais predominante em todas as regiões do país, algumas sub-linhagens carregando mutações adicionais preocupantes na proteína Spike começaram a surgir. As que tiveram maior sucesso em se disseminar foram a P.1.4 e P.1.7, a primeira com mais intensidade na região norte e a segunda na região centro-oeste. Em abril de 2021 os primeiros casos de infecção pela VOC Delta foram identificados no Brasil e, a partir de junho, sua frequência aumentou, chegando a atingir mais de 90% dos genomas sequenciados após três meses de circulação no país.

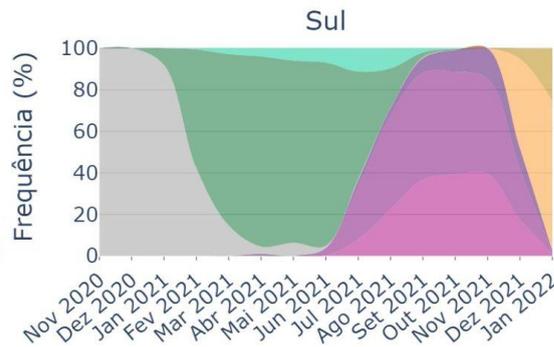
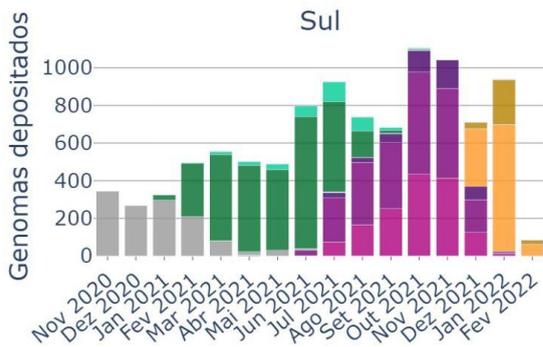
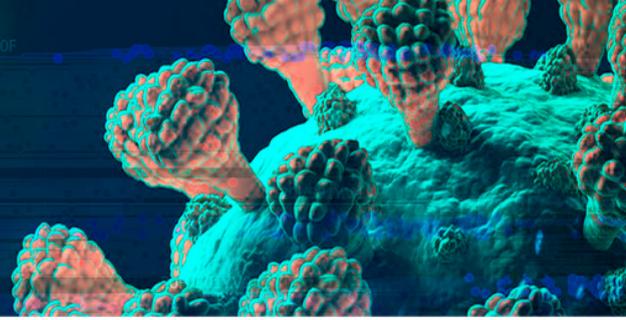
Linhagens derivadas da VOC Delta original (linhagem B.1.617.2) são nomeadas com um código iniciado pelas letras AY. Mesmo assim, todas estas linhagens são classificadas como VOC Delta. De forma genérica chamamos de AY.* todo, ou parte, do conjunto de linhagens derivadas da Delta. Nos gráficos da **Figura 9** e **Tabela 5**, destacamos as linhagens AY que são mais prevalentes no Brasil. No mês de novembro, foi possível observar que a VOC Delta (incluindo todas sublinhagens AY) era responsável por mais de 95% dos genomas sequenciados em todas as regiões do Brasil (**Tabela 5**). A sublinhagem mais frequente foi a AY.99.2, com exceção da região sul, onde a sublinhagem AY.101 prevaleceu.

Em dezembro de 2021, com a introdução da VOC Ômicron, este panorama mudou rapidamente e em um mês ela dominou o cenário nacional. Os primeiros genomas da VOC

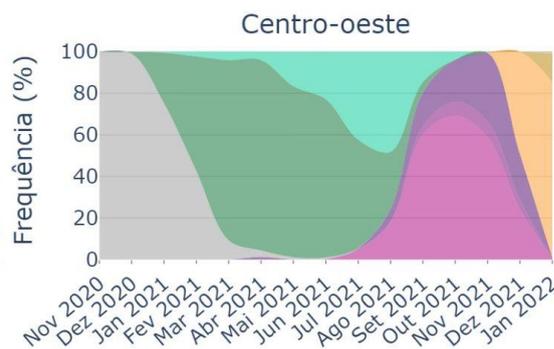
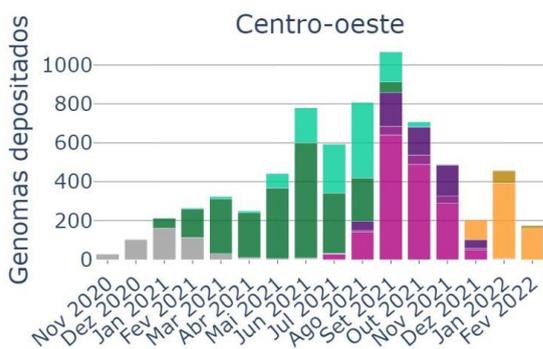
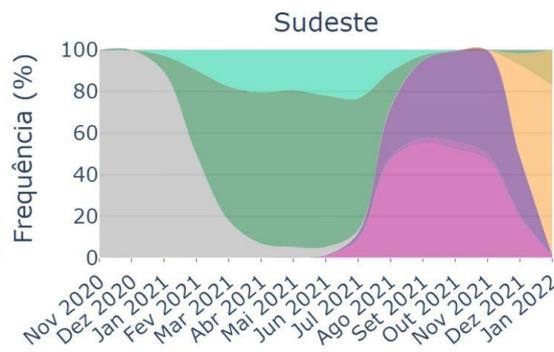
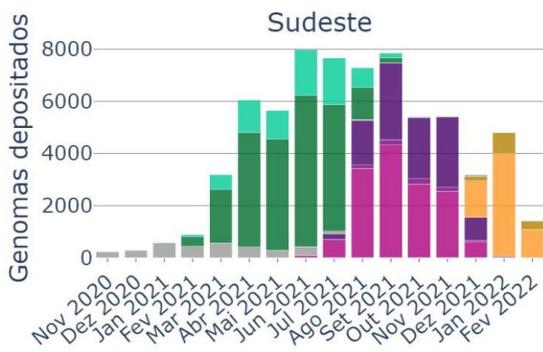
Ômicron no Brasil são de amostras do final de novembro e em dezembro esta variante já foi a mais frequentemente encontrada nas regiões sul, sudeste e centro-oeste (**Tabela 5**). Similarmente ao que observamos com a VOC Delta, a região Norte observou um crescimento retardado da VOC Ômicron, provavelmente devido a um menor número de introduções que devem ter ocorrido posteriormente às outras regiões do Brasil. Entretanto, em janeiro de 2022 já foi possível observar que a VOC Ômicron dominou completamente o cenário epidemiológico da COVID-19 no Brasil, sendo responsável por mais de 95% de todos os genomas sequenciados (**Tabela 5.1**). Até o dia do fechamento deste relatório, 11.306 genomas referentes ao mês de janeiro de 2022 e 1.868 referentes ao mês de fevereiro de 2022 estavam disponíveis no GISAID. No momento, a VOC Ômicron é classificada em mais de 40 linhagens, iniciadas pela sigla BA. No Brasil, até o fechamento deste relatório, foram identificadas apenas as linhagens BA.1 (13.072 genomas), BA.1.1 (2.193 genomas) e BA.2 (21 genomas).

Figura 9. Diversidade de VOCs e VOIs encontradas no Brasil a partir de novembro de 2020.





- P.1.* (Gama)
- P.1 (Gama)
- Outras
- BA.2 (Omicron)
- BA.1.1 (Omicron)
- BA.1 (Omicron)
- AY.*+B.1.617.2 (Delta)
- AY.101 (Delta)
- AY.99.2 (Delta)



Período de amostragem

Período de amostragem

Tabela 5. Frequência (%) das principais variantes amostradas em dezembro de 2021.

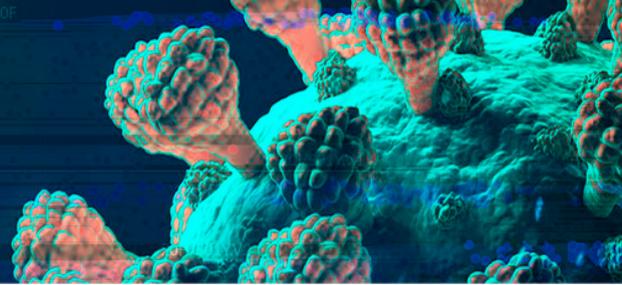
Variantes relevantes	Brasil (%)	Norte (%)	Nordeste (%)	Sul (%)	Sudeste (%)	Centro-oeste (%)
BA.1 (Omicron)	38,3	6,9	31,0	43,1	44,1	49,3
AY.99.2 (Delta)	26,5	47,5	47,4	17,7	19,4	24,1
AY.*+B.1.617.2 (Delta)	25,2	41,8	16,9	9,7	27,9	21,7
AY.101 (Delta)	5,0	3,4	3,6	24,4	1,3	4,9
BA.1.1 (Omicron)	4,1	0,2	1,0	4,9	5,7	0,0
P.1 (Gama)	0,9	0,2	0,0	0,0	1,5	0,0
Outras	0,1	0,0	0,1	0,1	0,0	0,0
P.1.* (Gama)	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
BA.2 (Omicron)	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0

Tabela 5.1 Frequência (%) das principais variantes amostradas em janeiro de 2022.

Variantes relevantes	Brasil (%)	Norte (%)	Nordeste (%)	Sul (%)	Sudeste (%)	Centro-oeste (%)
BA.1 (Omicron)	83,8	92,5	83,7	72,0	81,9	84,6
BA.1.1 (Omicron)	14,1	4,3	14,1	25,2	16,8	13,7
AY.99.2 (Delta)	1,1	1,4	1,7	1,2	0,7	0,7
AY.*+B.1.617.2 (Delta)	0,7	1,9	0,4	0,8	0,4	0,2
BA.2 (Omicron)	0,1	0,0	0,0	0,2	0,2	0,2
AY.101 (Delta)	0,1	0,0	0,1	0,6	0,0	0,0
Outras	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,7

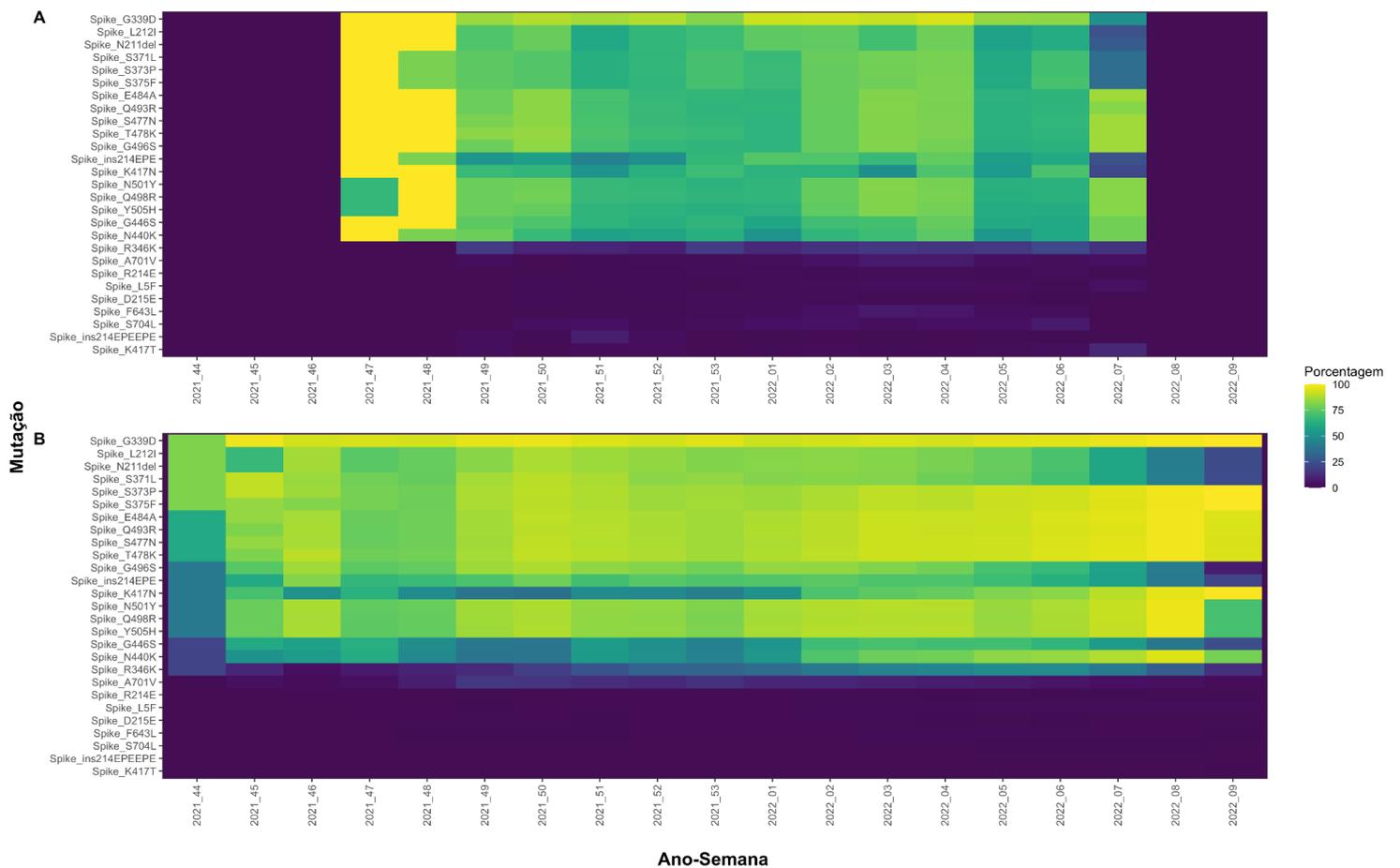
Tabela 5.2 Frequência (%) das principais variantes amostradas em fevereiro de 2022.

Variantes relevantes	Brasil (%)	Norte (%)	Nordeste (%)	Sul (%)	Sudeste (%)	Centro-oeste (%)
BA.1 (Omicron)	80	96	87	73	77	91
BA.1.1 (Omicron)	20	4	13	26	23	9
BA.2 (Omicron)	0	0	0	1	0	0
AY.99.2 (Delta)	0	0	0	0	0	0
AY.*+B.1.617.2 (Delta)	0	0	0	0	0	0



2.4 Alterações na Spike e mudança antigênica ao longo do tempo

Figura 10. Heatmap demonstrando visualmente as frequências de detecção de mutações da glicoproteína Spike em sequências de genomas analisados, pertencentes à Variante de Preocupação (VOC) Ômicron. A - Sequências do Brasil; B - Sequências de todo o mundo.



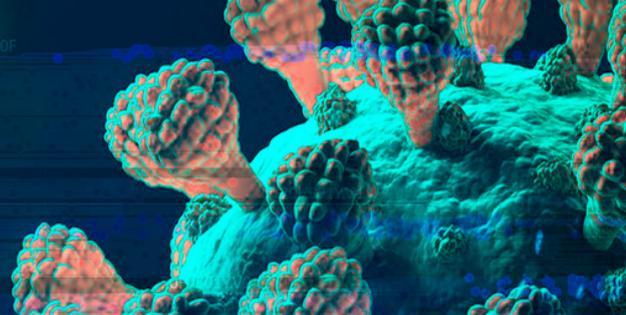
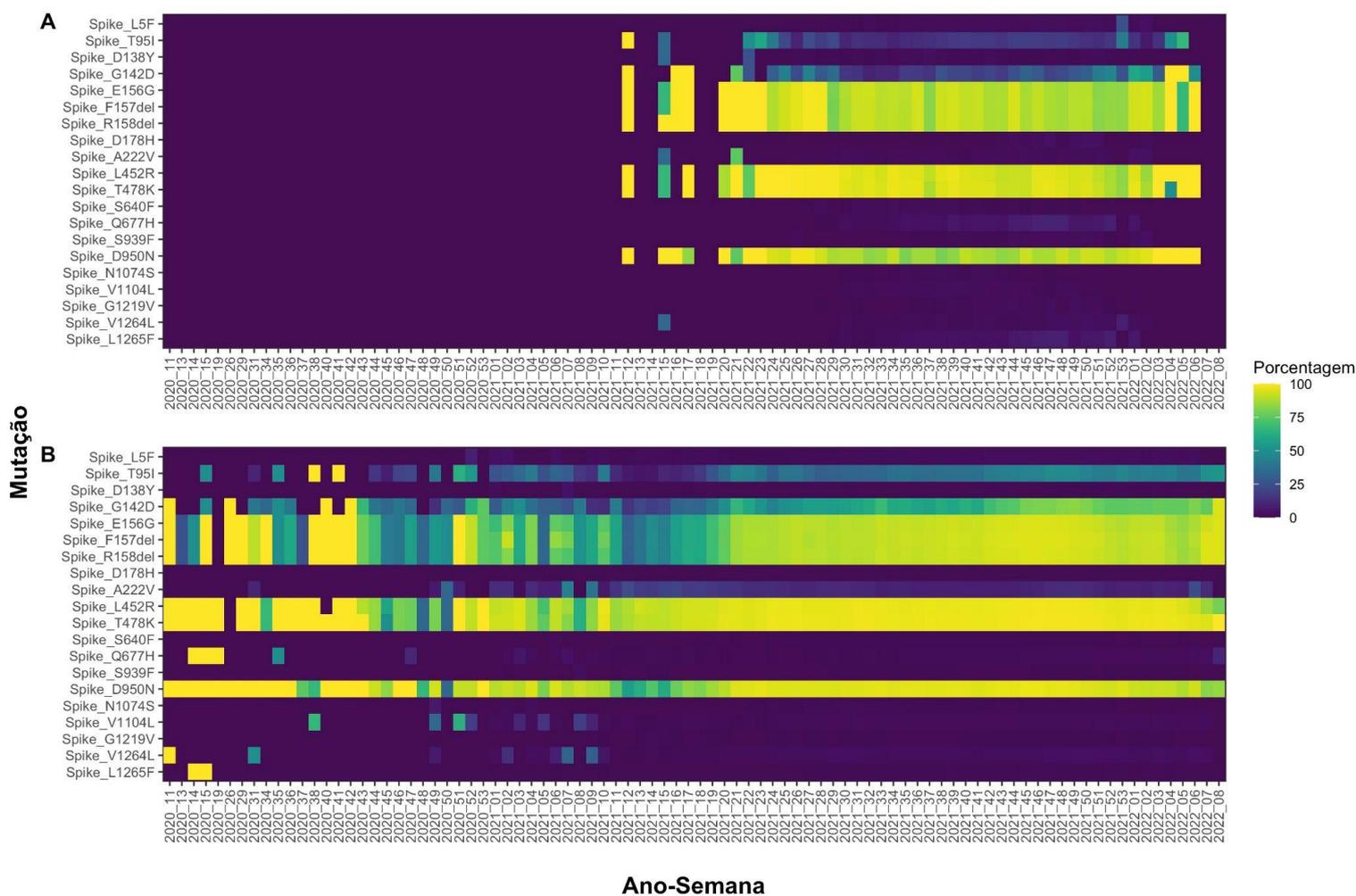


Figura 11. Heatmap demonstrando visualmente as frequências de detecção de mutações da glicoproteína Spike em seqüências de genomas analisados, pertencentes à Variante de Preocupação (VOC) Delta. A - Sequências do Brasil; B - Sequências de todo o mundo. Inconsistências na data de coleta podem ocorrer devido a erros no preenchimento da tabela de metadados submetida ao GISAID.



Dentre o vasto conjunto de mutações mais comuns das VOCs Gama e Delta, aquelas presentes em pelo menos 0,5% e em no máximo 95% das amostras sequenciadas estão destacadas nas **Tabelas 1-4 do Anexo 2**. Estas mutações exemplificam a contínua evolução das referidas VOCs em território nacional. Neste relatório apresentamos as frequências acumuladas das mutações na Spike, assim como sua frequência nos últimos 90 dias.

2.5 Reinfecções

Casos de recorrência e reinfecções de COVID-19 têm sido relatados desde a primeira onda pandêmica, e se tornaram mais frequentes desde o surgimento das chamadas variantes de preocupação (VOCs) no último trimestre de 2020. Fundamentalmente reinfecções diferem de recorrência, por se tratarem de um novo episódio da doença em que a presença de uma variante de SARS-CoV-2 geneticamente distinta da que anteriormente causou a doença é objetivamente confirmada. A classificação de casos confirmados ou prováveis de Reinfecção deste documento segue a NOTA TÉCNICA Nº 52/2020-CGPNI/DEIDT/SVS/MS.

Pela Rede Genômica Fiocruz já foram investigados **272** casos suspeitos de reinfecção, **37** foram confirmados após RT-PCR em tempo real e sequenciamento do genoma completo de ambas as infecções ou de apenas a segunda infecção. A **Tabela 6** abaixo mostra número de casos investigados descartados, suspeitos, prováveis e confirmados por UF. A **Tabela 5 do Anexo 2** faz um detalhamento dos casos confirmados de reinfecção com a primeira e segunda amostras sequenciadas. A **Tabela 6 do anexo 2** mostra o detalhamento da linhagem da segunda amostra referente a um potencial caso de reinfecção. Maiores informações sobre os genomas informados podem ser obtidas através do código de acesso na plataforma GISAID.

Tabela 6. Número de casos investigados (descartados, suspeitos, prováveis e confirmados) de reinfeção por UF.

UF	Número de casos suspeitos de reinfeção	Número de casos confirmados de reinfeção por sequenciamento das duas amostras	Casos prováveis de reinfeção com RT-PCR em tempo real positivo e apenas segunda amostra sequenciada	Casos Descartados
AL	73	0	4	69
AM	3	3	0	0
BA	3	0	2	1
ES	1	1	0	0
MA	2	0	0	2
PB	14	1	0	13
PR	5	3	0	2
RJ	19	2	0	17
RS	53	0	0	53
RN	2	0	0	2
SC	85	18	3	57
SE	12	0	0	12
TOTAL	272	28	9	228

2.6 Infecções pós vacina e associação com linhagens de SARS-CoV-2

Pelo fato das VOCs estarem associadas ao recrudescimento da pandemia e apresentarem uma maior capacidade de evasão imunológica e vacinal, a Rede Genômica Fiocruz tem também desenvolvido, junto aos serviços de vigilância regionais, estratégias para rastreamento de casos relacionados a potencial escape vacinal. Isto se tornou patente após o início do programa nacional de imunização no controle da COVID-19 em Janeiro de 2021, e que coincidiu com a emergência da VOC Gama. Desta forma, diversos casos de possível escape imunológico vacinal têm sido documentados.

A Rede Genômica da Fiocruz junto com as vigilâncias estaduais já reuniu **501** casos de COVID-19 pós-vacinação de cinco Unidades Federadas, Alagoas (**n = 1**), Pernambuco (**n = 5**), Paraná (**n = 4**), Rio de Janeiro (**n = 479**) e Santa Catarina (**n = 12**). A mediana de idade da população infectada pós-vacinação foi de **51** (variando de **15** a **98** anos). As vacinas administradas foram Astrazeneca (**n = 226**), CoronaVac (**n = 205**), Janssen (**n = 5**), Pfizer (**n = 65**), sendo que **80** indivíduos tinham tomado a dose de reforço. O intervalo de dias entre a última dose e o início dos sintomas foi de **16** a **331** dias (mediana = **141** dias). A vacinação tem como objetivo a diminuição de casos graves e óbitos, entre os casos avaliados **388** indivíduos se recuperaram bem, **80** foram internados, **33** foram a óbito. As linhagens que acometeram esses indivíduos foram Delta (**n = 147**), Gamma (**n = 9**) e Omicron (**n = 345**). Importante considerar que casos de internação e óbito podem estar associados a outros fatores como complicações e comorbidades do indivíduo infectado.

3. ISOLADOS DE LINHAGENS DE SARS-CoV-2 E CEPAS PADRÃO PARA ESTUDOS COMPLEMENTARES

Painel com 17 linhagens disponíveis para estudos complementares no biorrepositório da Rede Genômica Fiocruz (**Tabela 7**).

Tabela 7. Painel de isolados do Laboratório de Vírus Respiratórios e do Sarampo disponibilizados pela Rede Genômica Fiocruz para estudos complementares.

Linhagem	Número de acesso GISAID para maiores informações sobre os isolados
VOC Delta AY.6	EPI_ISL_2645416*
VOC Delta AY.101	EPI_ISL_7456228*
VOC Delta AY.122	EPI_ISL_7455343 (52221/21 1P) e EPI_ISL_7455344 (52222/21_1P)
B.1	EPI_ISL_6208341 *
B.1.1	EPI_ISL_2661871 e EPI_ISL_2731457
VOC Alfa B.1.1.7	EPI_ISL_1402430*
B.1.1.28	EPI_ISL_2645638*
B.1.1.33	EPI_ISL_1181384, EPI_ISL_1181430* , EPI_ISL_1181571, EPI_ISL_1181599, EPI_ISL_1533979, EPI_ISL_1533980, EPI_ISL_2731474, EPI_ISL_2731488, EPI_ISL_2731492, EPI_ISL_4418864 e EPI_ISL_4418865*
B.1.195	EPI_ISL_2466266 e EPI_ISL_2466267
VOI Lambda C.37	EPI_ISL_3751410
N.9	EPI_ISL_3828027* e EPI_ISL_6208347*
N.10	EPI_ISL_3828018*, EPI_ISL_6208342*, EPI_ISL_6208343 , EPI_ISL_6208344 , EPI_ISL_6208345 e EPI_ISL_6208346*
VOC Gama P.1	EPI_ISL_2863796 e EPI_ISL_1402431*
VOC Gama P.1.7	EPI_ISL_6208350*
VOC Gama P.1.8	EPI_ISL_7456229
VOI Zeta P.2	EPI_ISL_2731468*, EPI_ISL_1402429, EPI_ISL_2157561, EPI_ISL_2157573, EPI_ISL_2157575, EPI_ISL_2491752, EPI_ISL_2614383 e EPI_ISL_2645635*
VOC Ômicron BA.1	EPI_ISL_8430488*

*Isolados de SARS-CoV-2 que tiveram os títulos determinados e são utilizados em ensaios de neutralização por redução de placas (PRNT).

4. TESTES DE INFERÊNCIA DE VOC POR RT-PCR EM TEMPO REAL

No mês de janeiro de 2022, foram disponibilizados no site da rede genômica Fiocruz (<http://www.genomahcov.fiocruz.br/dashboard/>) os dados de RT-PCR de inferência para VOCs que estão sendo realizados pelos LACENs (**Figura 12**). Ao todo já foram realizados 12.187 testes em 19 unidades federativas entre os meses de novembro de 2021 e fevereiro de 2022, AC (n = 469), AP (n = 245), AM (n = 704), RR (n = 556), BA (n = 359), CE (n = 4433, dados do HEMOCE e Fiocruz-CE), DF (n = 416), PA (n = 261), RJ (n = 460), PB (n = 440), RN (n = 252), RO (n = 275), RS (n = 1493), SC (n = 492), SP (n = 466), PI (n = 227), SE (n = 60) e TO (n = 558), MS (n = 487).

Figura 12. Testes de Inferência de VOCs por RT-PCR em tempo real (4plex* ou TaqPath**) por Unidade Federativa (última atualização em 03/03/2022).

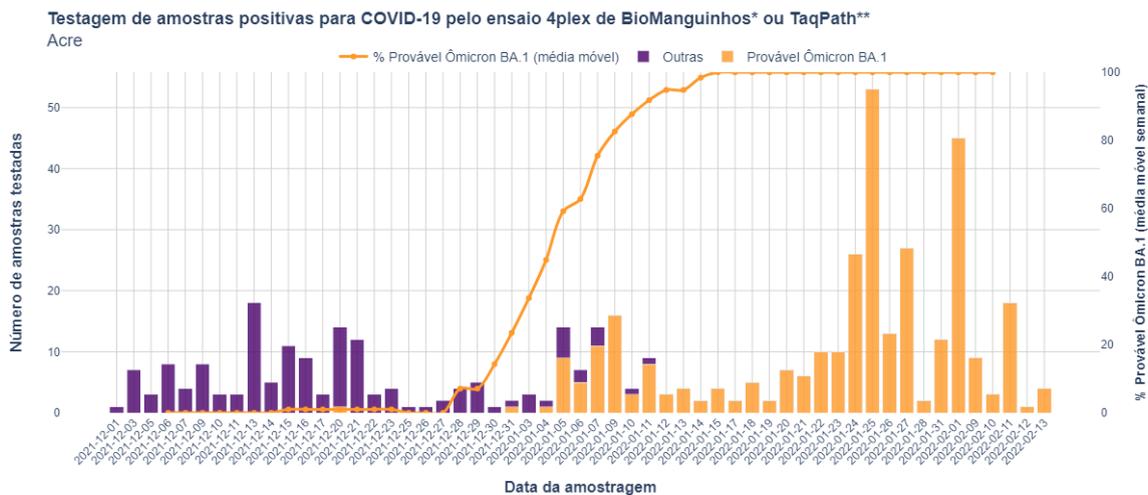
*Ensaio para detecção de SARS-CoV-2 e triagem de VOCs desenvolvido pelo LATED/Bio-Manguinhos em parceria com LVRs/IOC. Este ensaio detecta a presença das deleções NSP6:106/108del e Spike:69/70del que são características de algumas VOCs. A identificação simultânea das duas deleções investigadas no protocolo sugere a presença da linhagem Ômicron na amostra testada. A variante Delta, anteriormente predominante, não apresenta nenhuma das duas deleções.

**Ensaio comercial que infere a presença da deleção Spike:69/70 pela falha de amplificação do gene S (fenômeno conhecido como *S-gene target failure* – SGTF).

Acre

Total de amostras triadas no período: 469

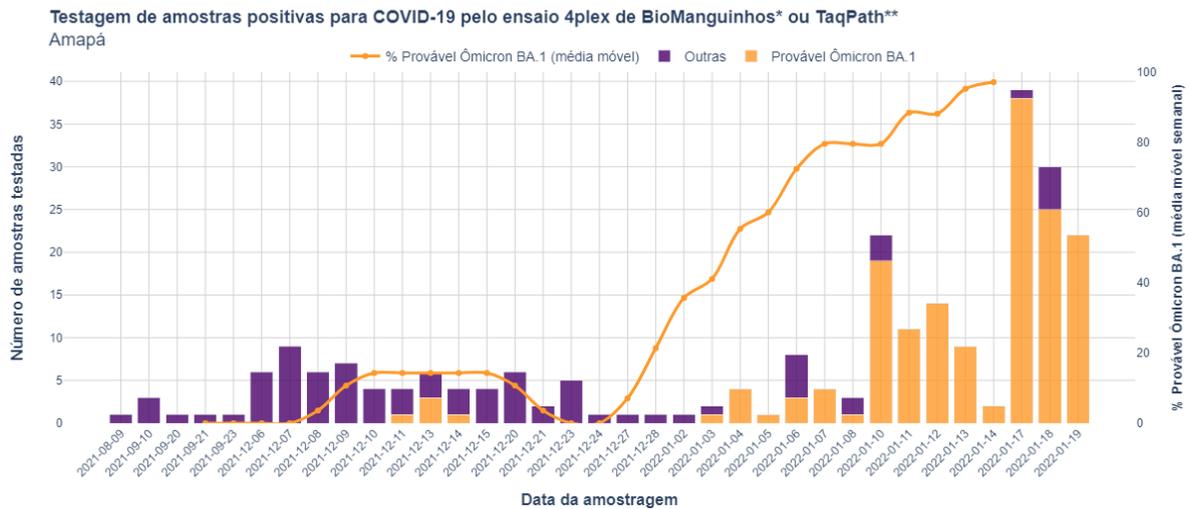
Média móvel: 100% de amostras triadas como possível Omicron em 10/02/2022



Amapá

Total de amostras triadas no período: 245

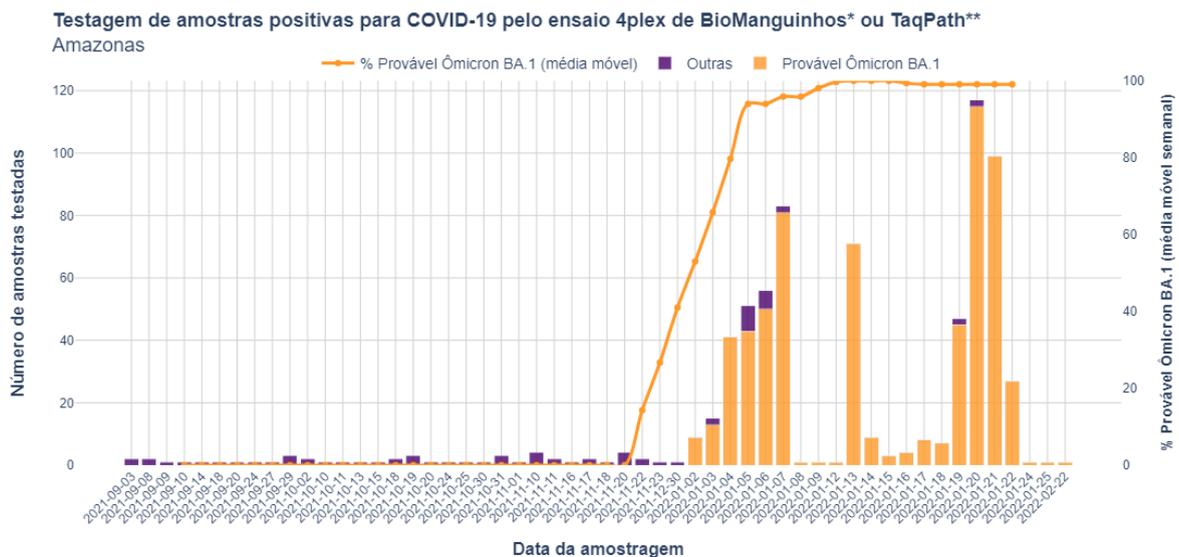
Média móvel: 97,2% de amostras triadas como possível Omicron em 14/01/2022



Amazonas

Total de amostras triadas no período: 704

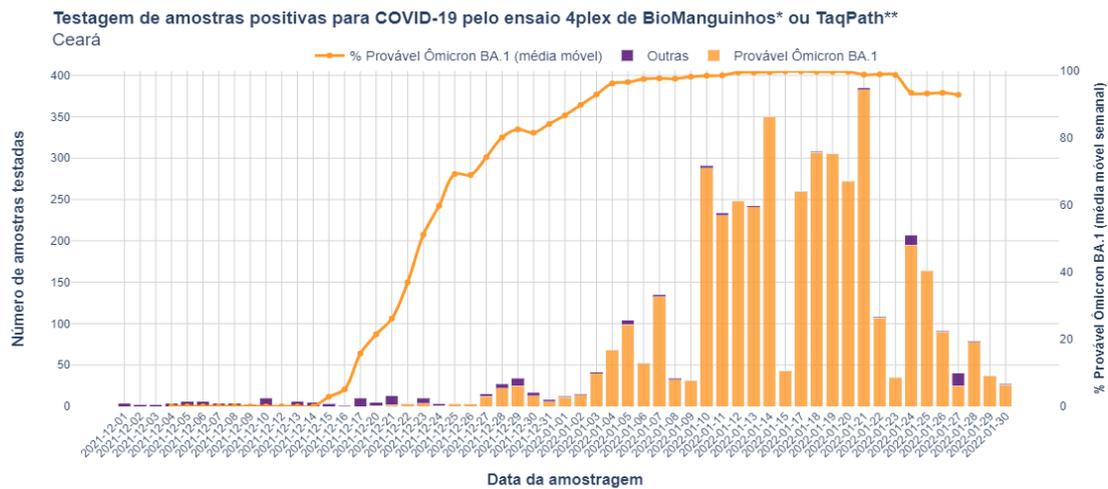
Média móvel: 99,1% de amostras triadas como possível Omicron em 22/01/2022



Ceará

Total de amostras triadas no período: 4433

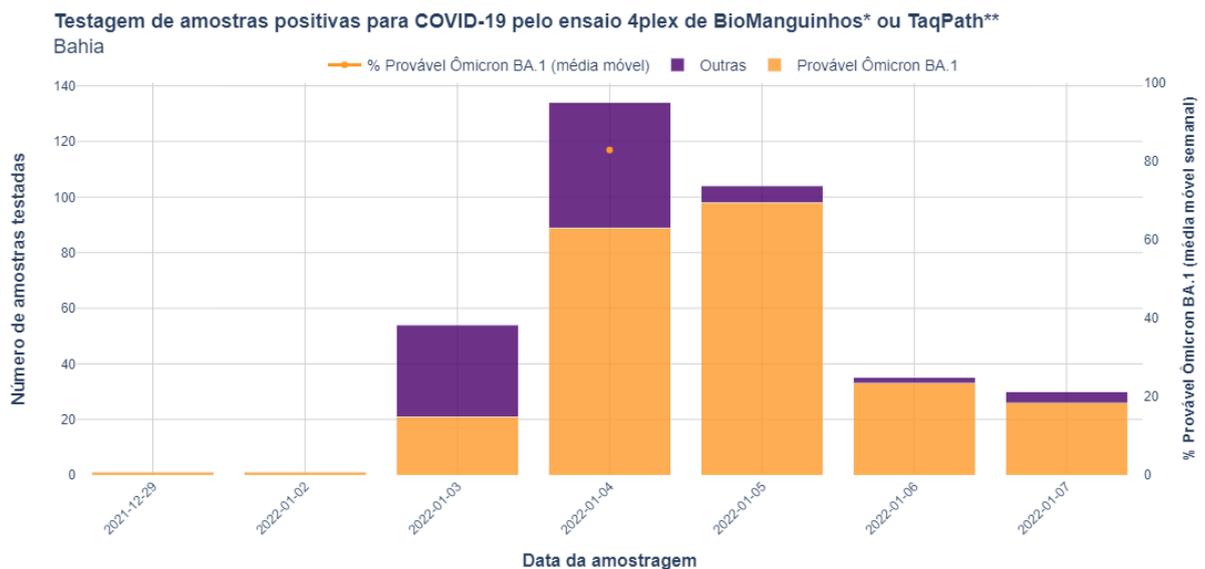
Média móvel: 92,9% de amostras triadas como possível Omicron em 27/01/2022



Bahia

Total de amostras triadas no período: 359

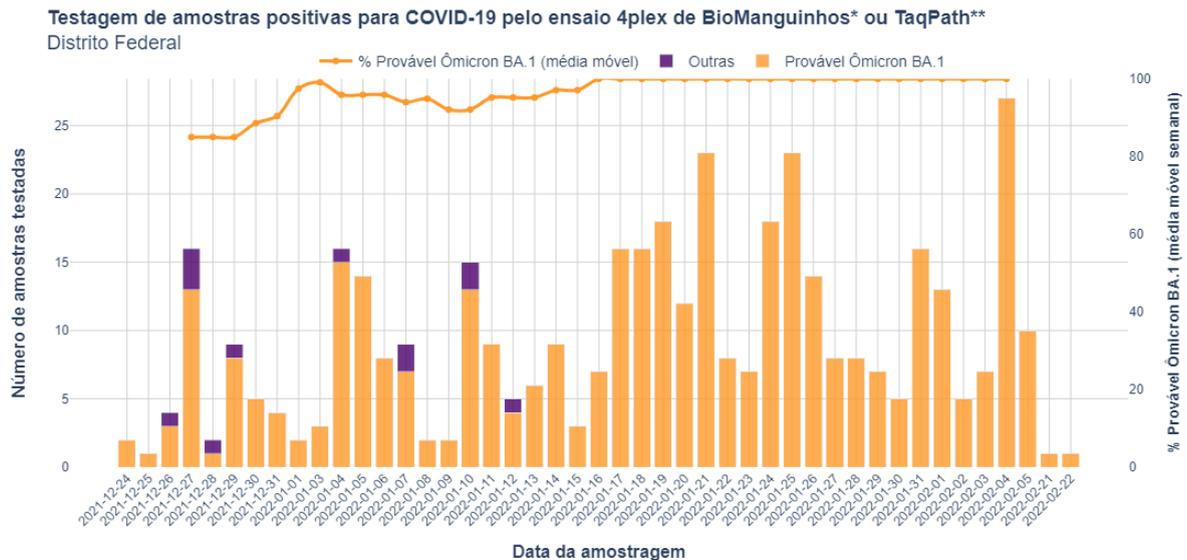
Média móvel: 82,9% de amostras triadas como possível Omicron em 04/01/2022



Distrito Federal

Total de amostras triadas no período: 416

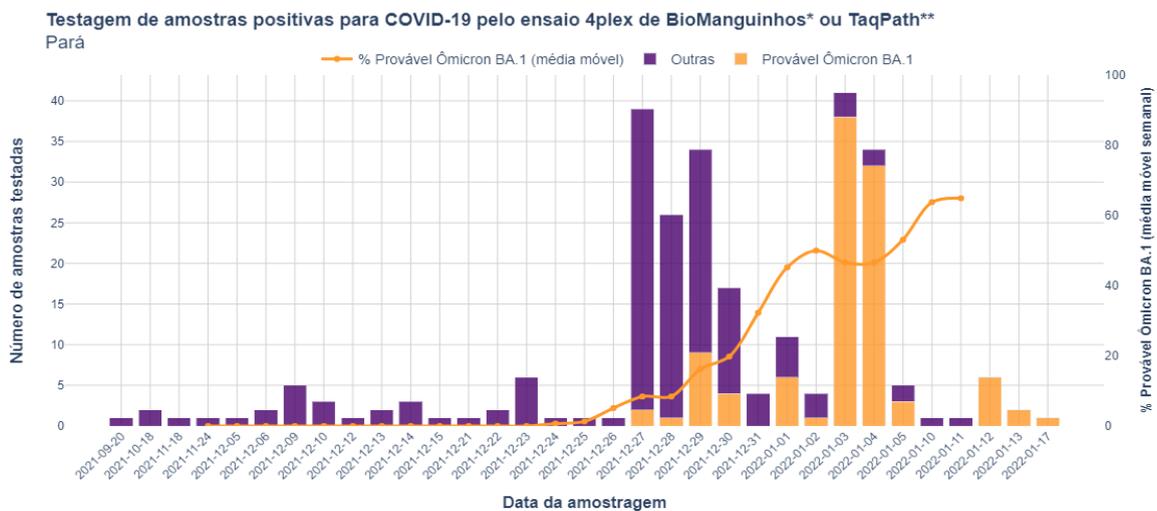
Média móvel: 100% de amostras triadas como possível Omicron em 04/02/2022



Pará

Total de amostras triadas no período: 261

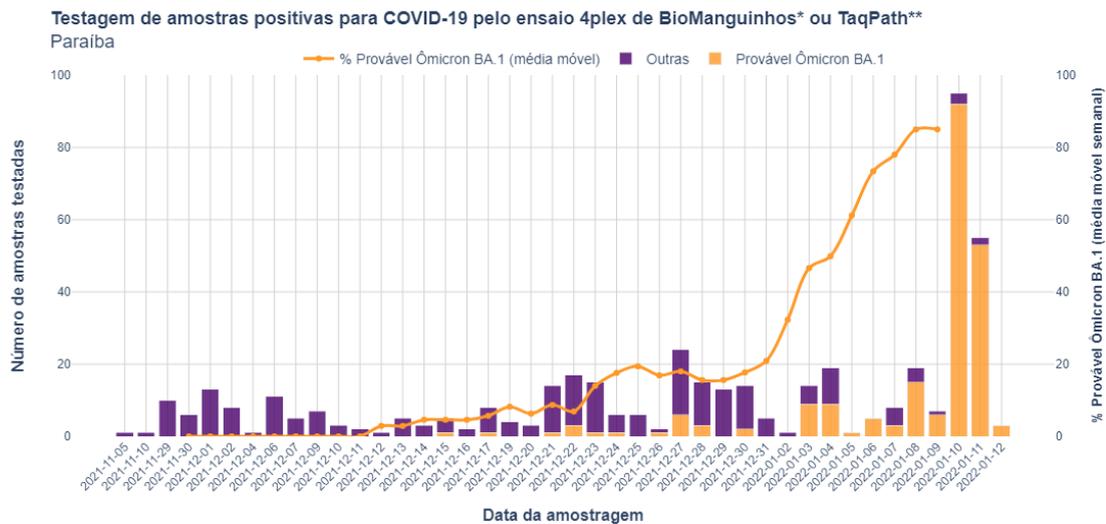
Média móvel: 64,9% de amostras triadas como possível Omicron em 11/01/2022



Paraíba

Total de amostras triadas no período: 440

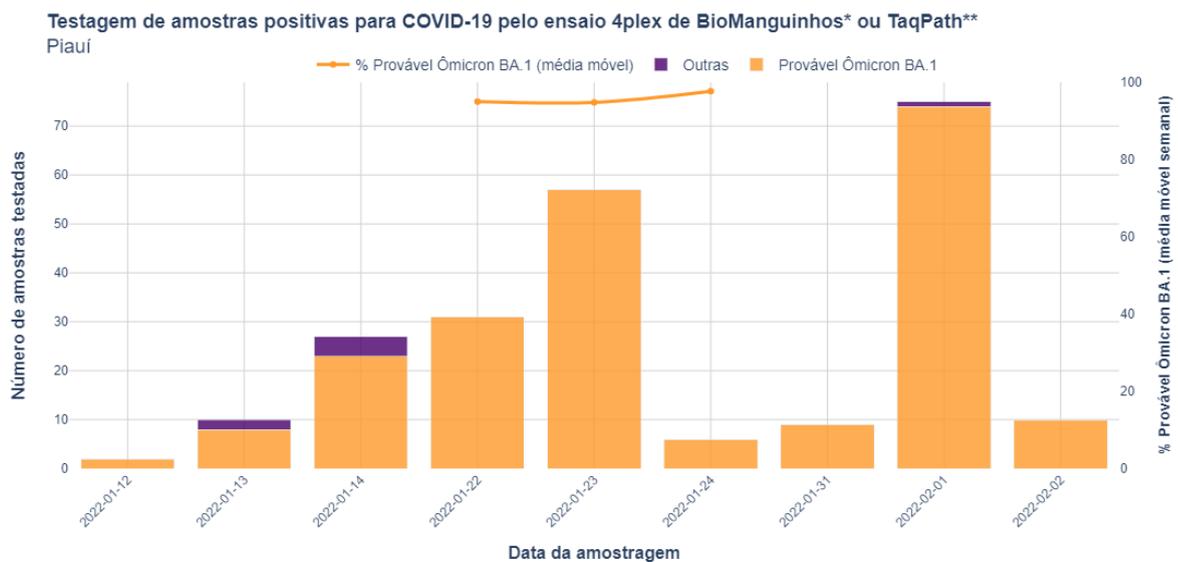
Média móvel: 85% de amostras triadas como possível Omicron em 09/01/2022



Piauí

Total de amostras triadas no período: 227

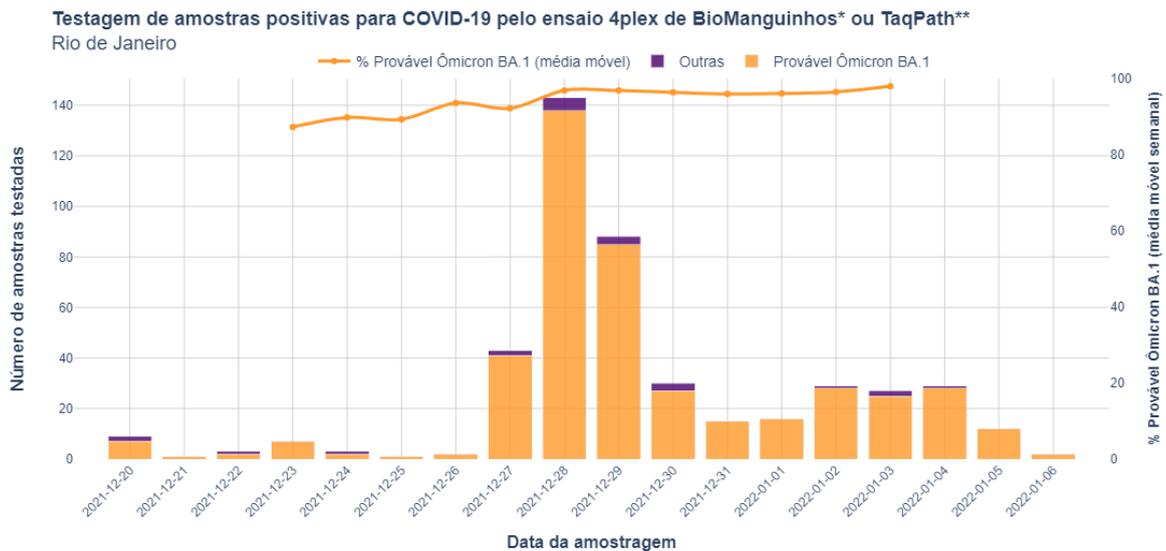
Média móvel: 97,7% de amostras triadas como possível Omicron em 24/01/2022



Rio de Janeiro:

Total de amostras triadas no período: 460

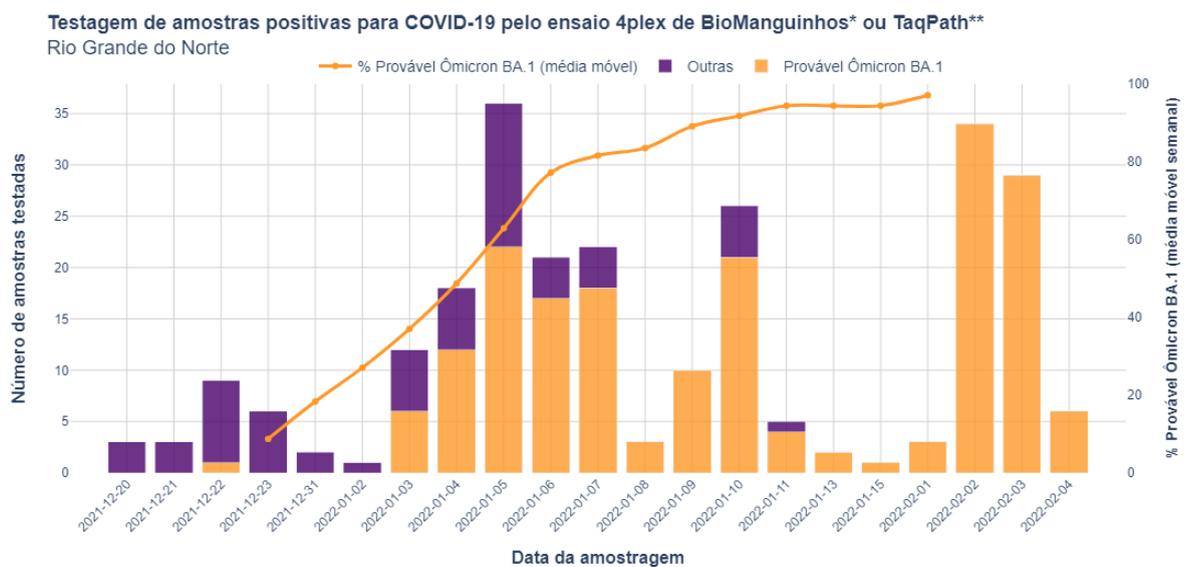
Média móvel: 98% de amostras triadas como possível Omicron em 03/01/2022



Rio Grande do Norte

Total de amostras triadas no período: 252

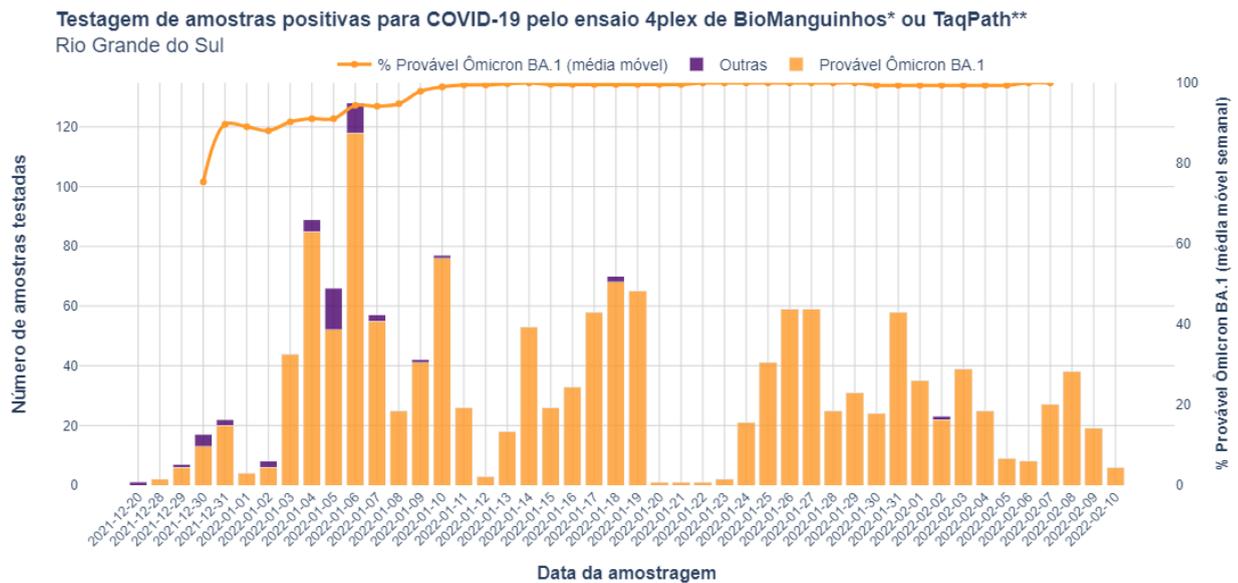
Média móvel: 97,1% de amostras triadas como possível Omicron em 01/02/2022



Rio Grande do Sul

Total de amostras triadas no período: 1493

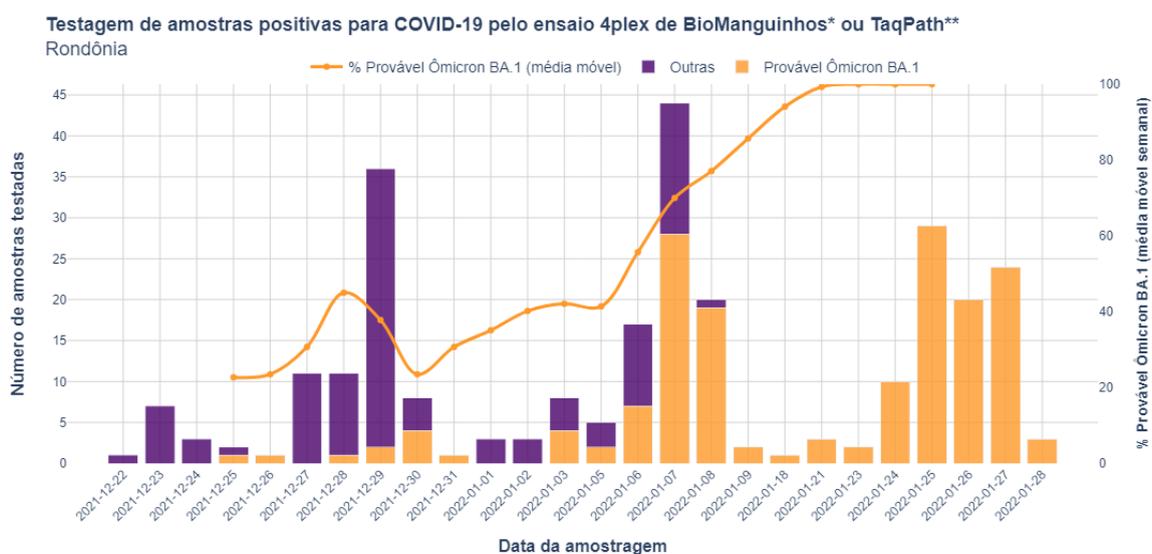
Média móvel: 100% de amostras triadas como possível Omicron em 07/02/2022

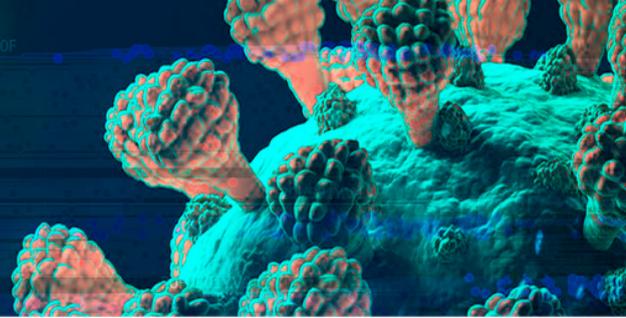


Rondônia

Total de amostras triadas no período: 275

Média móvel: 100% de amostras triadas como possível Omicron em 25/01/2022

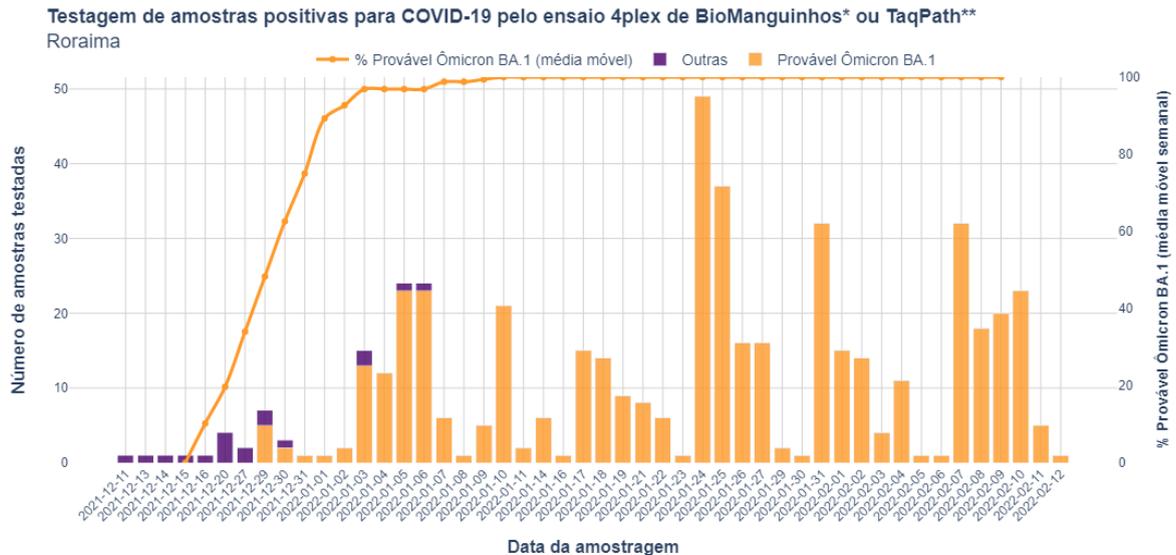




Roraima

Total de amostras triadas no período: 556

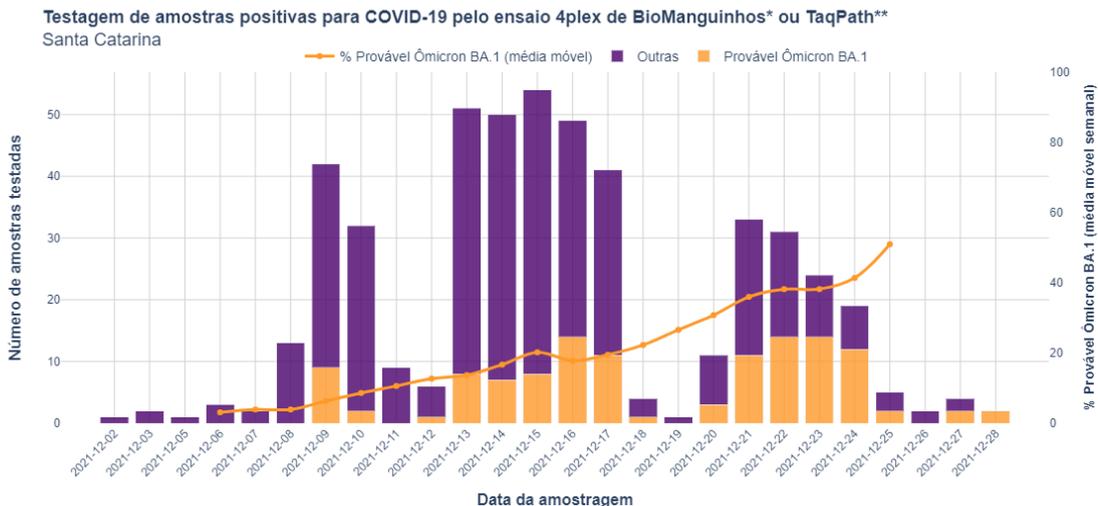
Média móvel: 100% de amostras triadas como possível Omicron em 09/02/2022



Santa Catarina

Total de amostras triadas no período: 492

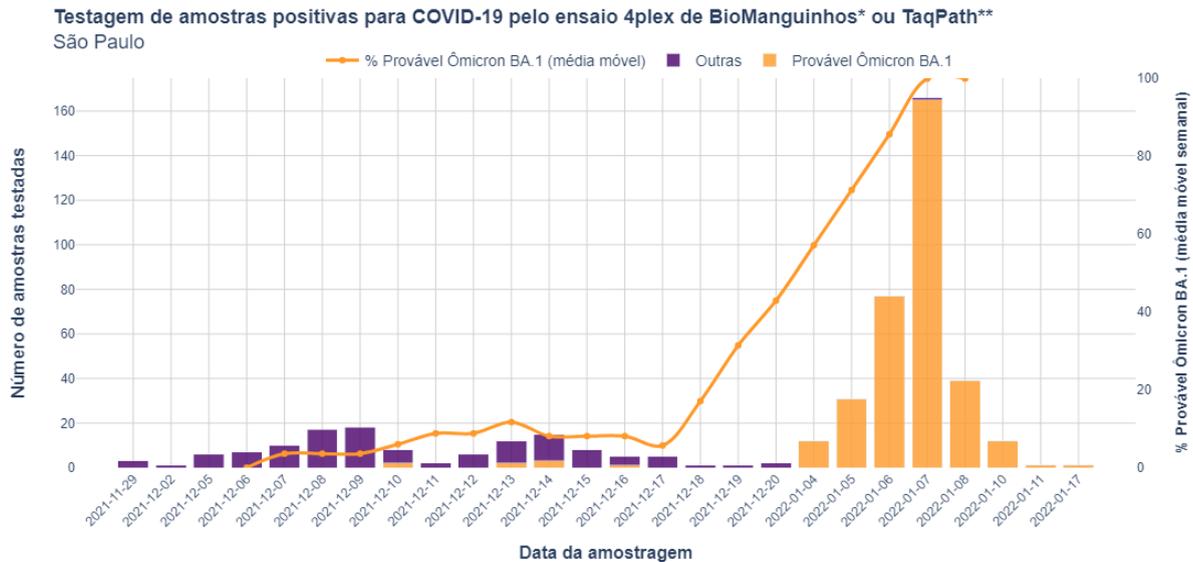
Média móvel: 51% de amostras triadas como possível Omicron em 25/12/2021



São Paulo

Total de amostras triadas no período: 466

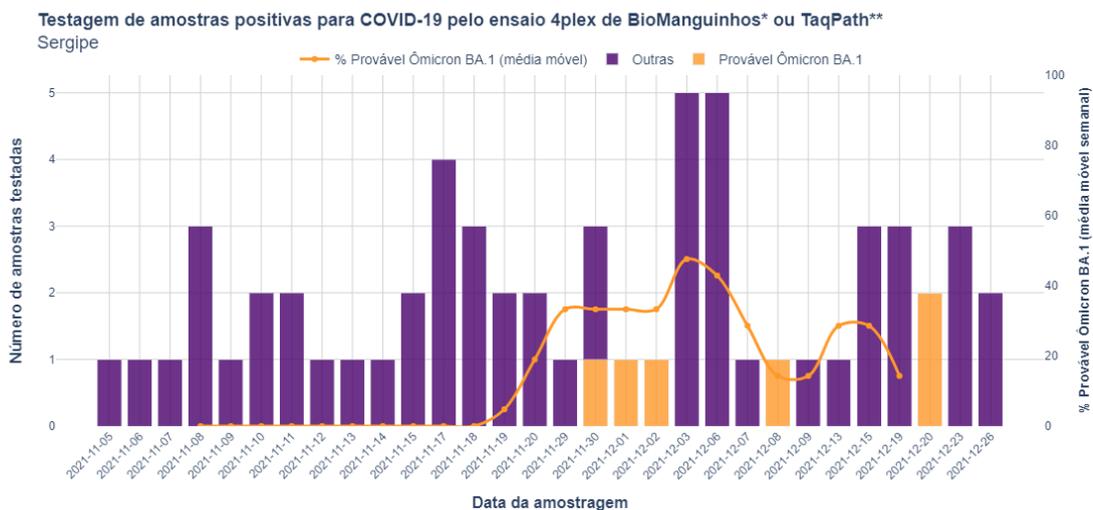
Média móvel: 99,9% de amostras triadas como possível Omicron em 08/01/2022



Sergipe

Total de amostras triadas no período: 60

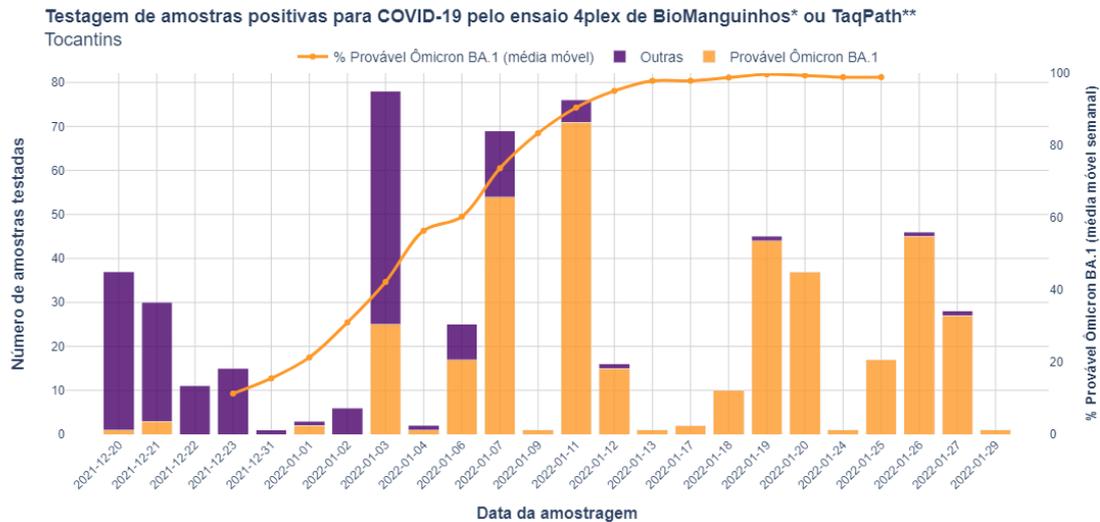
Média móvel: sem dados suficientes



Tocantins

Total de amostras triadas no período: 558

Média móvel: 98,9% de amostras triadas como possível Omicron em 25/01/2022



Mato Grosso do Sul

Total de amostras triadas no período: 487

Média móvel: 94,5% de amostras triadas como possível Omicron em 10/01/2022

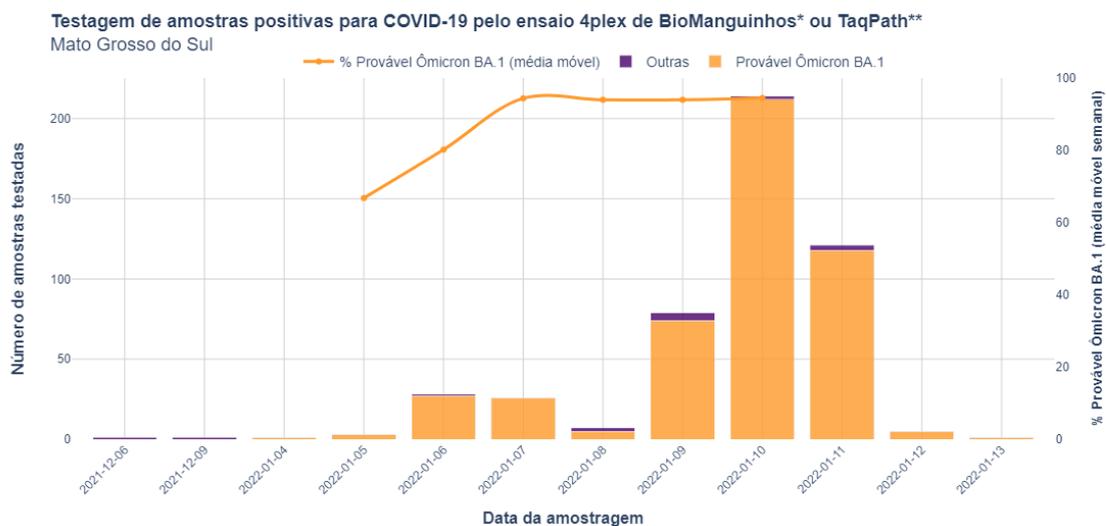
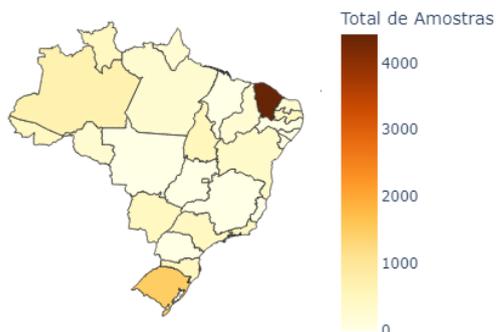


Figura 13. Mapa de aplicação de testes de Inferência de VOCs por RT-PCR em tempo real. Total de amostras testadas por estado (mapa à esquerda) e porcentagem de possíveis VOC Ômicron por estado - média móvel dos últimos 7 dias (mapa à direita).

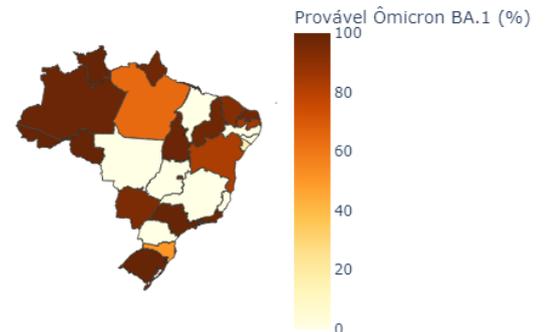
Quantidade de amostras testadas por estado

Brasil: 12611 amostras



Frequência de Ômicron BA.1 por estado

(média dos últimos sete dias)



5. PROTOCOLOS E ADAPTAÇÕES

Recentemente, pesquisadores do Instituto Leônidas e Maria Deane detectaram que as alterações no genoma de algumas amostras de VOC circulantes no Brasil resultavam no “*drop-out*” durante o sequenciamento, ou seja, a perda de capacidade de amplificação de algumas regiões do genoma devido a erros no pareamento entre a sequência-alvo e os primers utilizados em protocolos pré-estabelecidos. Estudando formas de lidar com o problema, os pesquisadores testaram e otimizaram duas soluções que resultaram na queda significativa do *drop-out* em quatro regiões do genoma de amostras pertencentes às VOCs Gama e Delta em que este fenômeno era um problema: além do desenho de alguns novos primers, os pesquisadores desenvolveram também adaptações do protocolo ARTIC v4, com redução da temperatura para 61°C, através da qual obteve-se sucesso na diminuição do *drop-out*.

5.1 Plataforma *ViralFlow*

Uma série de ferramentas para análise de diferentes dados relacionados à pandemia vem sendo desenvolvida para permitir que cientistas de todo o mundo estudem o SARS-CoV-2 de forma coordenada. Dentre os grandes desafios, a análise de dados de sequenciamento de genomas virais obtidos de amostras de pacientes é essencial na detecção de novas variantes e para a compreensão das mutações relevantes para a saúde pública.

Múltiplas ferramentas já foram desenvolvidas para análise de sequências genéticas para a automatização do processo de classificação em linhagens e para a detecção de mutações, mas a necessidade de um pacote único que centralize a análise de qualidade, a montagem de genomas e a classificação de linhagens, além da análise intra-hospedeiro de variantes em co-infecção, levou a Rede Genômica Fiocruz a desenvolver um *pipeline* de rotinas de bioinformática denominado [ViralFlow](#) (Link do GitHub).

Além de disponibilizar a ferramenta em código aberto, os pesquisadores que desenvolveram o *ViralFlow* publicaram [um artigo científico](#) detalhando as funcionalidades e o aplicações do *pipeline*.

5.2. Ferramenta Helper

De forma a otimizar o trabalho da Rede de Vigilância Genômica da Fiocruz foi desenvolvida uma versão beta para interface com equipamentos de PCR de tempo real, integração de resultados laboratoriais com metadados, formação de banco de dados e arquivos de saída compatíveis para cadastro e liberação automatizada de resultados. Em sua primeira versão, esse sistema denominado Helper já foi empregado de forma bem-sucedida, tanto de ensaios diagnósticos, como de testes de inferência para detecção de VOCs. A ferramenta irá proporcionar maior eficiência nas conferências múltiplas de resultados e no tempo de

cadastro e liberação de resultados (aproximadamente 4 horas de um analista por cada bateria de resultados gerados) e, após as devidas diligências conduzidas pela Rede Genômica da Fiocruz CE em parceria com Laboratório de Vírus Respiratório e Sarampo do IOC (LVRS/IOC) e o Laboratório de Tecnologia Diagnóstica (LATED) de Biomanguinhos, o processo de implementação permitirá a sua descentralização em diversos laboratórios, inclusive dos Lacens, e a realização de exercícios de vigilância laboratorial, particularmente dos ensaios de inferência para VOCs de SARS-CoV-2.

Vale a pena ressaltar que o programa Helper possui uma interface de fácil utilização, pois o usuário não precisa de programação para sua utilização e foi elaborado utilizando bibliotecas gráficas que permitem que o usuário manipule os dados de forma visual. Ele já foi testado em computadores utilizando o sistema operacional do Windows e pode ser instalado como um programa Desktop em máquinas pessoais, trazendo mais comodidade para o usuário do programa, havendo ainda a possibilidade do Helper ser utilizado de forma ampla.

6. CAPACITAÇÕES E EVENTOS

Adicionalmente às atividades de pesquisa, a Rede Genômica Fiocruz também tem participado da capacitação de colaboradores da Fiocruz e de outras instituições para a disseminação e compartilhamento de tecnologias necessárias a uma melhor compreensão e análise da situação genômica em nosso país e na região das Américas. As iniciativas de capacitação realizadas até o momento estão sumarizadas na **Tabela 8** e o detalhamento pode ser observado na **Tabela 7 do Anexo 2**.

Tabela 8. Compilado de todas as capacitações realizadas entre Julho de 2021 e 10 de Fevereiro de 2022, agrupadas por metodologia.

Metodologia da Capacitação	Número de pessoas Capacitadas
Treinamento para uso da ferramenta de análise genômica <i>ViralFlow</i>	25
Métodos analíticos de controle de qualidade genômica	16
Métodos de Sequenciamento	14
RT-PCR em Tempo Real	11
Extração de RNA	3
Preparo de Bibliotecas Genômicas de SARS-CoV-2	3
Técnicas de Biossegurança	3

Adicionalmente às capacitações, um *Workshop* aberto ao público geral foi promovido no dia 16 de dezembro de 2021 pela Fiocruz Ceará, visando a promoção de ações coordenadas de enfrentamento a pandemia, no formato de um simpósio no campo de vigilância epidemiológica laboratorial da COVID-19, incluindo a disseminação de

conhecimentos, conscientização do público e integração entre parceiros do sistema de saúde em direção a um modelo de vigilância ativa. Além da Fiocruz CE, o evento contou com palestras e participação de representantes e convidados da rede de vigilância epidemiológica e laboratorial do estado do Ceará: UNADIG-CE, LACEN-CE, ESP-CE, SESA-CE, HEMOCE; e palestra de encerramento com a presença do Dr. Felipe Gomes Naveca, Coordenador da Rede Genômica, Fiocruz-AM.

7. PUBLICAÇÕES ACADÊMICAS

A lista a seguir reúne as publicações da Rede Genômica Fiocruz produzidas desde Julho de 2021 e divididas em três categorias: artigos publicados em periódicos revisados por pares; *pre-prints* publicados em repositórios especializados; postagens no fórum de especialistas em virologia Virological.Org. Um compilado com o número de publicações em cada categoria está disponível na **Tabela 9**.

Tabela 9. Compilado de publicações produzidas por pesquisadores da Rede Genômica Fiocruz desde Junho de 2021, nas categorias: artigos revisados por pares publicados em periódicos (*peer-reviewed*); *pre-prints*; posts no fórum Virological.Org.

Tipo de Publicação	Número de Publicações
<i>Peer Reviewed</i>	16
<i>Pre-Prints</i>	3
Virological.Org	3

7.1 Artigos revisados por pares publicados em periódicos

1. Leite JA, Vicari A, Perez E, Siqueira M, Resende P, Motta FC, Freitas L, Fernandez J, Parra B, Castillo A, Fasce R, Martinez Caballero AA; COVID-19 Genomic Surveillance Regional Network, Gresh L, Aldighieri S, Gabastou JM, Franco L, Mendez-Rico J. Implementation of a COVID-19 Genomic Surveillance Regional Network for Latin America and Caribbean region. (2022) PLoS One. 17(3):e0252526. DOI: [10.1371/journal.pone.0252526](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0252526). (Março de 2022)

2. Oliveira G. S., Silva-Flannery L., da Silva J. F., Siza C., Esteves R. J., Marston B. J., Morgan J., Plucinski M., Roca T. P., Silva A. M. P. D., Pereira S. S., Salcedo J. M. V., Pereira D., Naveca F. G., Vieira Dall'Acqua D. S. Brazil Investigation Team (2022). Active surveillance and early detection of community transmission of SARS-CoV-2 Mu variant (B.1.621) in the Brazilian Amazon. *J Med Virol.* [https://doi: 10.1002/jmv.27686](https://doi.org/10.1002/jmv.27686) (Março de 2022)

3. Fernandez, Z., Lichs, G. G. C., Zubieta, C. S., Machado, A. B., Ferreira, M. A., Valente, N., Keren, T., Arantes, I., Nacife, V., Pereira, E. C., Appolinario, L., Lacerda, T. E. J., Siqueira, M. M., Esposito, A. O. P., Demarchi, L. H. F., Zardin, M. C. S. U., Goncalves, C. C. M., Maziero, L. M. A., Miziara, L. A. F., Naveca, F. G., Pauvolid-Corrêa, A., Resende, P. C., Favacho, A. R. M. (2022). Case Report: SARS-CoV-2 Gamma Isolation From Placenta of a Miscarriage in Midwest, Brazil. *Frontiers in Medicine*, DOI: <https://doi.org/10.3389/fmed.2022.839389> (Março de 2022)

4. Naveca, F. G., Nascimento, V., Souza, V., Corado, A. L., Nascimento, F., Silva, G., Mejía, M., Brandão, M. J., Costa, A., Duarte, D., Pessoa, K., Jesus, M., Gonçalves, L., Fernandes, C., Mattos, T., Abdalla, L., Santos, J. H., Martins, A., Chui, F. M., Val, F. F., Melo, G. C., Xavier, M. S., Sampaio, V. S., Mourão, M. P., Lacerda, M. V., Batista, E. L. R., 5. Magalhães, A. L. A., Dábilla, N., Pereira, L. C. G., Vinhal, F., Miyajima, F., Dias, F. B. S., Santos, E. R.,

Coêlho, D., Ferraz, M., Lins, R., Wallau, G. L., Delatorre, E., Gräf, T., Siqueira, M. M., Resende, P. C., & Bello, G. (2022). Spread of Gamma (P.1) Sub-Lineages Carrying Spike Mutations Close to the Furin Cleavage Site and Deletions in the N-Terminal Domain Drives Ongoing Transmission of SARS-CoV-2 in Amazonas, Brazil. *Virology*. DOI: <https://doi.org/10.1128/spectrum.02366-21> (Fevereiro 2022)

5. Gräf, T., Bello, G., Venas, T. M. M., Pereira, E. C., Paixão, A. C. D., Appolinario, L. R., ... & Resende, P. C. (2021). Identification of a novel SARS-CoV-2 P. 1 sub-lineage in Brazil provides new insights about the mechanisms of emergence of variants of concern. *Virus evolution*, 7(2), veab091. DOI: <https://doi.org/10.1093/ve/veab091> (Janeiro de 2022)

6. da Silva J. F., Esteves R. J., Siza C., Soares E. P., Ramos T. C., Campelo E. C., da Costa C. F., de Alencar L. C., Cavalcante R. P., Florêncio C. R., Mattos T. P., Bonecini-Almeida MG, Silva-Flannery L., Marston B. J., Morgan J., Plucinski M., Naveca F., CDC Brazil Investigation Team1. (2022). Cluster of SARS-CoV-2 Gamma Variant Infections, Parintins, Brazil, March 2021. *Emerg Infect Dis*. 28(1):262-264. <https://doi: 10.3201/eid2801.211817> (Janeiro de 2022)

7. Dejnirattisai, W., Huo, J., Zhou, D., Zahradník, J., Supasa, P., Liu, C., Naveca, F. G., Nascimento, V., Nascimento, F., Costa, C. F., Resende, P. C., Pauvolid-Correa, A., Siqueira, M, M. S., ... & Sreaton, G. R. (2022). SARS-CoV-2 Omicron-B. 1.1. 529 leads to widespread escape from neutralizing antibody responses. *Cell*. DOI: <https://doi.org/10.1093/ve/veab091> (Janeiro de 2022)

8. Dezordi, F. Z., de Lima Campos, T., Jeronimo, P. M. C., Aksenon, C. F., Almeida, S. P., & Wallau, G. L. (2021). ViralFlow: an automated workflow for SARS-CoV-2 genome assembly, lineage assignment, mutations and intrahost variants detection. *Viruses*. DOI: <https://doi.org/10.3390/v14020217> (Janeiro de 2022)

9. Farias M. E., Santana M. F., Ferreira L., Borba M., Silva-Neto J., Brito-Sousa J. D., Baía-da-Silva D. C., João G. P., Val F., Simão M., Souza J. V., Naveca F., Melo G., Monteiro W., Lacerda M. (2022) COVID-19-Associated Pulmonary Aspergillosis in a Series of Complete Autopsies from the Brazilian Amazon. *Am J Trop Med Hyg.* 106(2): 571-573. [https://doi: 10.4269/ajtmh.21-1009](https://doi.org/10.4269/ajtmh.21-1009) (Janeiro de 2022)

10. Gräf, T., Bello, G., Venas, T. M. M., Pereira, E. C., Paixão, A. C. D., Appolinario, L. R., Lopes, R. S., Mendonça, A. C. F., Rocha, A. S. B., Motta, F. C., Gregianini, T. S., Salvato, R. S., Fernandes, S. B., Rovaris, D. B., Cavalcanti, A. C., Leite, A. B., Riediger, I., Debur, M. C., Bernardes, A. F. L., Rodrigues, R. R., Grinsztejn, B., Nascimento, V. A., Souza, V. C., Gonçalves, L., Costa, C. F., Mattos, T., Dezordi, F. Z., Wallau, G. L., Naveca F. G., Delatorre, E., Siqueira, M. M. & Resende, P. C. (2021). Identification of a novel SARS-CoV-2 P. 1 sub-lineage in Brazil provides new insights about the mechanisms of emergence of variants of concern. *Virus evolution*, 7(2) DOI: <https://doi.org/10.1093/ve/veab091> (Dezembro de 2021)

11. Liu C, Ginn HM, Dejnirattisai W, Supasa P, Wang B, Tuekprakhon A, Nutalai R, Zhou D, Mentzer AJ, Zhao Y, Duyvesteyn HME, López-Camacho C, Slon-Campos J, Walter TS, Skelly D, Johnson SA, Ritter TG, Mason C, Costa Clemens SA, Gomes Naveca F, Nascimento V, Nascimento F, Fernandes da Costa C, Resende PC, Pauvolid-Correa A, Siqueira MM, Dold C, Temperton N, Dong T, Pollard AJ, Knight JC, Crook D, Lambe T, Clutterbuck E, Bibi S, Flaxman A, Bittaye M, Belij-Rammerstorfer S, Gilbert SC, Malik T, Carroll MW, Klenerman P, Barnes E, Dunachie SJ, Baillie V, Serafin N, Ditse Z, Da Silva K, Paterson NG, Williams MA, Hall DR, Madhi S, Nunes MC, Goulder P, Fry EE, Mongkolsapaya J, Ren J, Stuart DI, Sreaton GR. Reduced neutralization of SARS-CoV-2 B.1.617 by vaccine and convalescent serum. DOI: [10.1016/j.cell.2021.12.046](https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.12.046) (Agosto 2021)

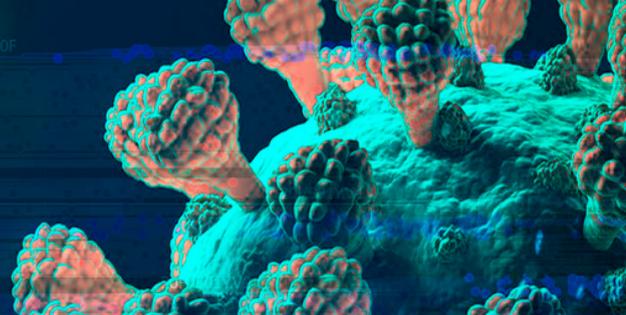
12. Bezerra, M. F., Machado, L. C., de Carvalho, V. D. C. V., Docena, C., Brandão-Filho, S. P., Ayres, C. F. J., Paiva, M. H. S., & Wallau, G. L. (2021). A Sanger-based approach for scaling up screening of SARS-CoV-2 variants of interest and concern. *Infection, Genetics and Evolution*, 92, 104910. DOI: [10.1016/j.meegid.2021.104910](https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021.104910) (Agosto 2021)

13. Lugon P, Fuller T, Damasceno L, Calvet G, Resende PC, Matos AR, Machado Fumian T, Malta FC, Salgado AD, Fernandes FCM, Abreu de Carvalho LM, Guaraldo L, Bastos L, Cruz OG, Whitworth J, Smith C, Nielsen-Saines K, Siqueira M, Carvalho MS, Brasil P. SARS-CoV-2 Infection Dynamics in Children and Household Contacts in a Slum in Rio de Janeiro. DOI: [10.1542/peds.2021-050182](https://doi.org/10.1542/peds.2021-050182) (Julho de 2021)

14. Resende PC, Bezerra JF, Vasconcelos RHT, Arantes I, Appolinario L, Mendonça AC, *et al.* Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 P.2 lineage associated with reinfection case, Brazil, June–October 2020 DOI: [10.3201/eid2707.210401](https://doi.org/10.3201/eid2707.210401) (Julho de 2021)

15. Naveca FG, Nascimento V, de Souza VC, Corado AL, Nascimento F, Silva G, Costa Á, Duarte D, Pessoa K, Mejía M, Brandão MJ, Jesus M, Gonçalves L, da Costa CF, Sampaio V, Barros D, Silva M, Mattos T, Pontes G, Abdalla L, Santos JH, Arantes I, Dezordi FZ, Siqueira MM, Wallau GL, Resende PC, Delatorre E, Gräf T, Bello G. COVID-19 in Amazonas, Brazil, was driven by the persistence of endemic lineages and P.1 emergence. *Nat Med*. 2021 Jul;27(7):1230-1238. DOI: [10.1038/s41591-021-01378-7](https://doi.org/10.1038/s41591-021-01378-7) (Julho de 2021)

16. Konings, F., Perkins, M. D., Kuhn, J. H., Pallen, M. J., Alm, E. J., Archer, B. N., Resende, P. C., ... & Van Kerkhove, M. D. (2021). SARS-CoV-2 Variants of Interest and Concern naming scheme conducive for global discourse. *Nature Microbiology*, 1-3. DOI: [10.1038/s41564-021-00932-w](https://doi.org/10.1038/s41564-021-00932-w) (Julho de 2021)



7.2 Pre-Prints

1. Naveca, F. G., Nascimento, V. A., Nascimento, F., Ogrzewalska, M., Pauvolid-Correa, A., Araujo, M. F., Arantes, I., Batista, E. L. R., Magalhães, A. L. A., Vinhal, F., Mattos, T. P., Riediger, I., Debur, M. C., Grinsztejn, B., Veloso, V. G., Brasil, P., Rodrigues, R. R., Rovaris, D. B., Fernandes, S. B., Fernandes, C., Santos, J. H. A., Abdalla, L. G., Costa-Filho, R., Silva, M., Souza, V., Costa, A. A., Mejía, M., Brandão, M. J., Gonçalves, L. F., Silva, G. A., Jesus, M. S., Pessoa, K., Corado, A. L. G., Duarte, D. C. G., Machado, A. B., Zukeram, K. A., Valente, N., Lopes, R. S., Pereira, E. C., Appolinario, L. R., Rocha, A. S., Tort, L. F. L., Sekizuka, T., Itokawa, K., Hashino, M., Kuroda, M., Wallau, G. L., Delatorre, E., Gräf, T., Siqueira, M. M., Bello, G. & Resende, P. C. (2021). A case series of SARS-CoV-2 reinfections caused by the variant of concern Gamma in Brazil. medRxiv. (2021). A case series of SARS-CoV-2 reinfections caused by the variant of concern Gamma in Brazil. DOI: <https://doi.org/10.1101/2021.11.29.21266109> (Novembro de 2021)

2. Dezordi, F. Z., Resende, P. C., Naveca, F. G., Nascimento, V. A., Souza, V. C., Paixão, A. C. D., Appolinario, L., Lopes, R. S., Mendonça, A. C. F., Rocha, A. S. B., Venas, T. M. M., Pereira, E. C., Salvato, R. S., Gregianini, T. S., Martins, L. G., Pereira, F. M., Rovaris, D. B., Fernandes, S. B., Ribeiro-Rodrigues, R., Costa, T. O., Sousa Jr., J. C., Miyajima, F., Delatorre, E., Gräf, T., Bello, G., Siqueira, M. M., Wallau, G. L. (2021). Unusual SARS-CoV-2 intra-host diversity reveals lineages superinfection DOI: <https://doi.org/10.1101/2021.09.18.21263755> (Setembro de 2021)

3. Naveca, F. G., Nascimento, V., Souza, V., Corado, A. L., Nascimento, F., Silva, G., Mejía, M., Brandão, M. J., Costa, A., Duarte, D., Pessoa, K., Jesus, M., Gonçalves, L., Fernandes, C., Mattos, T., Abdalla, L., Santos, J. H., Martins, A., Chui, F. M., Val, F. F., Melo, G. C., Simão, M. X., Sampaio, V. S., Mourão, M. P., Lacerda, M. V., Batista, E. L. R., Magalhães, A. L. A., Dábilla, N., Pereira, L. C. G., Vinhal, F., Miyajima, F., Dias, F. B. S., Santos, E. R.,

Coêlho, D., Ferraz, M., Lins, R., Wallau, G. L., Delatorre, E., Gräf, T., Siqueira, M. M., Resende, P. C., & Bello, G. (2021). Spread of Gamma (P. 1) sub-lineages carrying Spike mutations close to the furin cleavage site and deletions in the N-terminal domain drives ongoing transmission of SARS-CoV-2 in Amazonas, Brazil. DOI: <https://doi.org/10.1101/2021.09.12.21263453> (Setembro de 2021 - **Já Publicado em revista indexada** DOI: <https://doi.org/10.1128/spectrum.02366-21>)

7.3 Postagens no Fórum Virological.Org

1. Naveca, F. G., Nascimento, V, Souza, V, Nascimento, F., Mejía, M., Brandão M. J., Silva, A. V., Silva, D., Silva, G., Gonçalves, L., Ramos, T. C. A., Castro, D. B., Mattos, T., Wallau, G. L., Delatorre, E., Arantes, I., Siqueira, M. M., Resende, P. C., Gräf, T. & Bello, G. The dissemination of the Omicron variant in the highly seroprevalent Amazonas state, Brazil, is associated with a rapid upsurge of SARS-CoV-2 cases. Disponível em:

<https://virological.org/t/the-dissemination-of-the-omicron-variant-in-the-highly-seroprevalent-amazonas-state-brazil-is-associated-with-a-rapid-upsurge-of-sars-cov-2-cases/785>

2. Naveca, F., Nascimento, V., Souza, V., Corado, A., Nascimento, F., Silva, G., Mejía, M., Costa, A., Duarte, D., Pessoa, K., Brandão, M. J., Jesus, M., Gonçalves, L., Fernandes, C., Mattos, T., Lins, R., Coêlho, D., Wallau, G. L., Delatorre, E., Gräf, T., Siqueira, M. M., Resende, P. C., Bello, G. Emergence and spread of SARS-CoV-2 P.1 (Gamma) lineage variants carrying Spike mutations Δ 141-144, N679K or P681H during persistent viral circulation in Amazonas, Brazil. Disponível em:

<https://virological.org/t/emergence-and-spread-of-sars-cov-2-p-1-gamma-lineage-variants-carrying-spike-mutations-141-144-n679k-or-p681h-during-persistent-viral-circulation-in-amazonas-brazil/722> (Julho de 2021)

3. Naveca, F. G., Nascimento, V., Souza, V., Corado, A. L., Nascimento, F., Mejía, M., Brandão, M. J., Silva, A. V., Benzaken, A. S., Silva, G., Gonçalves, L., Luz, S. L. B., Cortés, J. J. C., Nieto, J. C. G., Vesga, K. N. R., Fernandes, C., Amorim, T., Mattos, T., Abdalla, L., Santos, J. H., Wallau, G. L., Delatorre, E., Arantes, I., Siqueira, M. M., Resende, P. C., Gräf, T. & Bello, G. The SARS-CoV-2 variant Delta displaced the variants Gamma and Gamma plus in Amazonas, Brazil. Disponível em:

<https://virological.org/t/the-sars-cov-2-variant-delta-displaced-the-variants-gamma-and-gamma-plus-in-amazonas-brazil/765> (Outubro de 2021)

8. WEBSITE

Como forma de melhor se comunicar com outros grupos de pesquisa, com veículos de mídia e com a sociedade não-especialista de maneira geral, a Rede Genômica Fiocruz estabeleceu [uma homepage](#) em 20 de Janeiro de 2021. O site conta com uma seção introdutória sobre a Rede Genômica, destacando as Unidades da Fiocruz, Instituições Parceiras, e Órgãos de Apoio / Financiamento da Rede, além de uma seção contendo gráficos e tabelas com os dados mais atualizados sobre a circulação do SARS-CoV-2 e suas variantes no território brasileiro, e seções contendo informação gerada para a população geral (divulgação científica). Este material de divulgação científica consiste em resumos das publicações acadêmicas da Rede, além de um Glossário e uma seção de Perguntas Frequentes. Estas duas últimas seções possuem, além do material em texto, infográficos e esquemas visuais, para facilitar a ilustração de conceitos relacionados à pandemia do SARS-CoV-2.

Desde sua criação até o momento de elaboração deste relatório, a página da Rede Genômica foi acessada mais de 217 mil vezes (**Figura 14**) por 69 mil usuários únicos (**Figura 15**). Um resumo das origens de acesso do site está disponível na **Figura 16**.

No momento, o site da Rede Genômica Fiocruz está no processo de implementação de duas versões internacionais: uma em inglês e outra em espanhol. Em fevereiro de 2022 a [versão em inglês do Dashboard](#) reunindo os gráficos e tabelas (mais voltado à comunidade científica e a veículos de mídia) já foi implementada e encontra-se disponível online, concentrando **237** acessos em menos de 30 dias.

Figura 14. Gráfico demonstrando os acessos do site da Rede Genômica Fiocruz de sua criação até 03 de Março de 2022, acompanhado do somatório dos acessos para o mesmo período.

Visão geral das visitações do site

217 mil
Visualizações de
páginas

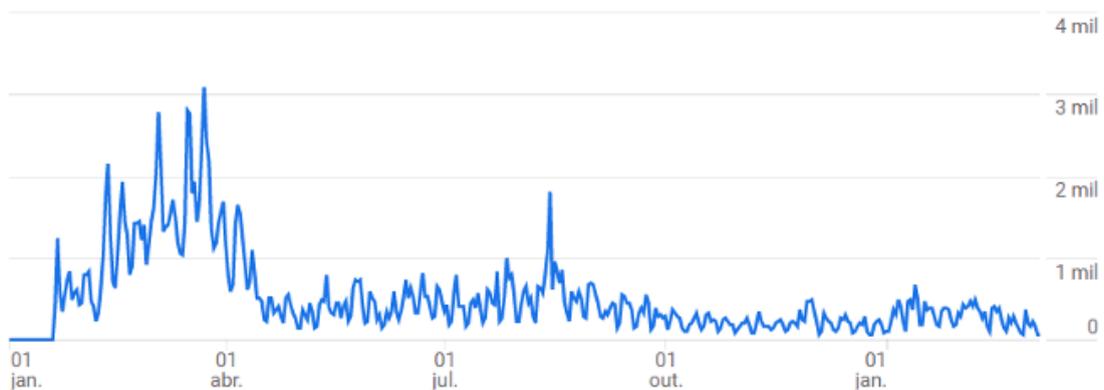


Figura 15. Gráfico demonstrando o número de usuários únicos do site da Rede Genômica Fiocruz de sua criação até 03 de Março de 2022, acompanhado do somatório de usuários para o mesmo período.

Informações de novos usuários

69 mil
Primeiros acessos
a página

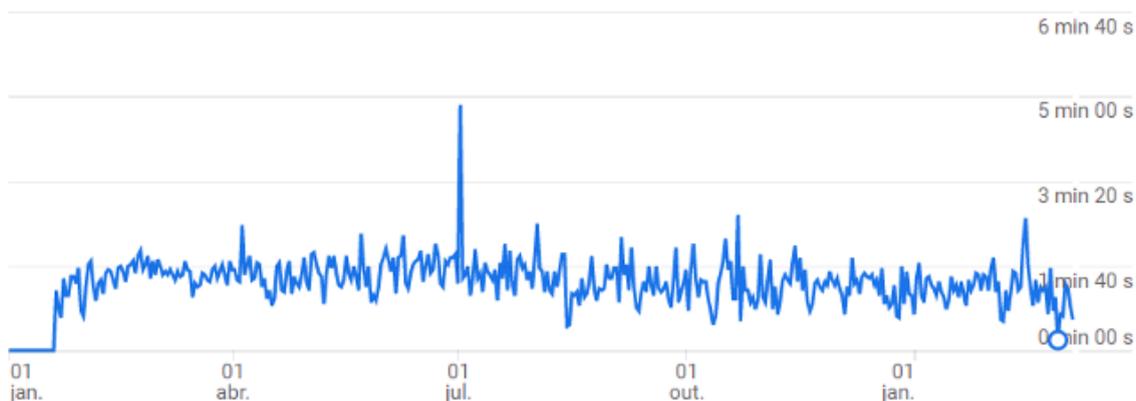


Figura 16. Gráfico demonstrando os países de origem dos acessos ao site da Rede Genômica Fiocruz e as páginas mais comumente visitadas.



FONTES DE DADOS

Casos de COVID-19 confirmados. Secretarias de Saúde das Unidades Federativas, dados tratados por Álvaro Justen e equipe de voluntários Brasil.IO. <https://brasil.io/datasets/>

Elbe, S., and Buckland-Merrett, G. (2017) Data, disease and diplomacy: GISAID's innovative contribution to global health. *Global Challenges*, 1:33-46. DOI:[10.1002/gch2.1018](https://doi.org/10.1002/gch2.1018) PMID: [31565258](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31565258/). <https://www.gisaid.org/>

REFERÊNCIAS

Vavrek, D., Speroni, L., Curnow, K. J., Oberholzer, M., Moeder, V., & Febbo, P. G. (2021). Genomic surveillance at scale is required to detect newly emerging strains at an early timepoint. medRxiv.

ELABORAÇÃO

Laboratório de Referência Nacional para SARS-CoV-2 do Instituto Oswaldo Cruz, Instituto Aggeu Magalhães, Instituto Leônidas e Maria Deane, Fiocruz BA, Rede de Vigilância Genômica Fiocruz CE, Fiocruz MS, Fiocruz RO, Fiocruz PR, FIOCRUZ PI

Anexo 01

**Tabelas de Classificação de Amostras segundo a
Organização Mundial da Saúde**

As tabelas a seguir foram adaptadas da página oficial da [Organização Mundial da Saúde](#), e resumam os perfis genéticos do SARS-CoV-2 classificados como Variantes de Preocupação (VOC), Variantes de Interesse (VOI) e Variantes Sob Monitoramento (VUM).

Segundo a página da OMS dedicada à questão das Variantes, os critérios para classificação de VOCs são: preencher os critérios para classificação como VOI, além de ser demonstradamente associada a: um aumento de risco de relevância global em sua transmissibilidade, virulência e manifestações clínicas; ou uma diminuição na efetividade de medidas de saúde pública.

Já para a classificação de VOIs, os critérios são: a presença de alterações genéticas com efeitos conhecidos ou possíveis em características virais como a transmissibilidade, virulência, escape de mecanismos imunológicos, detectabilidade em testes diagnósticos ou escape terapêutico; e a associação com transmissão comunitária significativa ou com o desenvolvimento de múltiplos *clusters* de contágio em múltiplos países, com aumento na prevalência relativa e no número de casos ou outros impactos epidemiológicos que indiquem um possível risco emergente à saúde pública.

Por sua vez, a organização classifica linhagens como VUMs quando suspeita-se que algumas de suas alterações genéticas tenham efeitos em características virais com potencial de risco futuro para a saúde pública, mas sem evidências conclusivas sobre o risco aumentado associado a essas mutações.

Estas classificações são dinâmicas, de modo que as tabelas representam o cenário até o dia 03/03/2022.

Tabela 1. Relação de amostras classificadas como VOC pela Organização Mundial da Saúde

Nomenclatura da OMS	Linhagem Pango	Clado do GISAID	Clado do Nextstrain	Alterações adicionais de aminoácidos em monitoramento	Amostras mais antigas documentadas	Data de Classificação
Alfa	B.1.1.7	GRY	20I (V1)	(+)S:484K (+)S:452R	Reino Unido, Setembro de 2020	18/12/2020
Beta	B.1.351	GH/501Y.V2	20H (V2)	(+)S:L18F	África do Sul, Maio de 2020	18/12/2020
Gama	P.1	GR/501Y.V3	20J (V3)	(+)S:681H	Brasil, Novembro de 2020	11/01/2021
Delta	B.1.617.2	G/478K.V1	21A, 21I, 21J	(+)S:417N	Índia, Outubro de 2020	VOI: 04/04/2021 VOC: 11/05/2021
Ômicron	B.1.1.529	GR/484A	21K, 21L 21M	+S:R346K	Múltiplos países, Novembro de 2021	VUM: 24/11/2021 VOC: 26/11/2021

Tabela 2. Relação de amostras classificadas como VOI pela Organização Mundial da Saúde

Nomenclatura da OMS	Linhagem Pango	Clado do GISAID	Clado do Nextstrain	Amostras mais antigas documentadas	Data de Classificação
Lambda	C.37	GR/452Q.V1	21G	Peru, Dezembro de 2020	14/06/2021
Mu	B.1.621	GH	21H	Colômbia, Janeiro de 2021	30/08/2021

Tabela 3. Relação de amostras Classificadas como “Sob Monitoramento” (VUM) pela Organização Mundial da Saúde

Linhagem Pango	Clado do GISAID	Clado do Nextstrain	Amostras mais antigas documentadas	Data de Classificação
B.1.1.318	GR	-	Múltiplos países, Janeiro de 2021	02/06/2021
C.1.2	GR	-	África do Sul, Maio de 2021	01/09/2021
B.1.640	GH/490R	-	República do Congo, Setembro de 2021	22/11/2021

Anexo 02

Tabelas Complementares

Tabela 1. Frequência de mutações novas (não características) na Spike da VOC Gama no Brasil e no mundo referentes a todo o período de amostragem. Destacamos mutações presentes em mais de 0.5% e menos de 95% dos genomas desta variante.

Mutação	N Brasil	Frequência Brasil	N Mundo sem Brasil	Frequência Mundo sem Brasil	N Mundo	Frequência Mundo
Spike_P681H	4235	8.84	1920	2.62	6155	5.08
Spike_N679K	1061	2.21	869	1.19	1930	1.59
Spike_Q675H	996	2.08	293	0.40	1289	1.06
Spike_A845S	587	1.22	402	0.55	989	0.82
Spike_E661D	578	1.21	26	0.04	604	0.50
Spike_L5F	482	1.01	623	0.85	1105	0.91
Spike_Q677H	409	0.85	156	0.21	565	0.47
Spike_P681R	391	0.82	38	0.05	429	0.35
Spike_Y144del	374	0.78	281	0.38	655	0.54
Spike_P26F	325	0.68	12	0.02	337	0.28
Spike_V687L	278	0.58	4	0.01	282	0.23
Spike_T470N	274	0.57	54	0.07	328	0.27
Spike_C1235F	269	0.56	45	0.06	314	0.26
Spike_V1228L	253	0.53	81	0.11	334	0.28

Observação: Dados atualizados em 03/03/2022

Tabela 2. Frequência de mutações novas (não características) na Spike da VOC Gama no Brasil e no mundo referentes aos últimos 90 dias de amostragem. Destacamos mutações presentes em mais de 0,5% e menos de 95% dos genomas desta variante.

Mutação	N Brasil	Frequência Brasil	N Mundo sem Brasil	Frequência Mundo sem Brasil	N Mundo	Frequência Mundo
Spike_P681R	2	3.92	1	3.85	3	3.9
Spike_E1202Q	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_F140del	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_G142del	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_G257S	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_G769R	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_K356T	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_L141del	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_L216F	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_L455F	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_L5F	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_N448S	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_P621S	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_R346I	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_S459P	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_T761I	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_V143del	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_V622I	1	1.96	0	0.00	1	1.3
Spike_Y449H	1	1.96	2	7.69	3	3.9

Observação: Dados atualizados em 03/03/2022

Tabela 3. Frequência de mutações novas (não características) na Spike da VOC Delta no Brasil e no mundo referentes a todo o período de amostragem. Destacamos mutações presentes em mais de 0.5% e menos de 95% dos genomas desta variante.

Mutação	N Brasil	Frequência Brasil	N Mundo sem Brasil	Frequência Mundo sem Brasil	N Mundo	Frequência Mundo
Spike_E156G	37024	89.78	3867754	91.41	3904778	91.39
Spike_R158del	37014	89.75	3873767	91.55	3910781	91.53
Spike_G142D	8616	20.89	2805866	66.31	2814482	65.87
Spike_T95I	6267	15.20	1631233	38.55	1637500	38.33
Spike_Q677H	2157	5.23	32974	0.78	35131	0.82
Spike_L1265F	1820	4.41	7508	0.18	9328	0.22
Spike_V1104L	597	1.45	59328	1.40	59925	1.40
Spike_V1264L	536	1.30	108050	2.55	108586	2.54
Spike_L5F	521	1.26	59756	1.41	60277	1.41
Spike_A222V	481	1.17	428925	10.14	429406	10.05
Spike_D138Y	419	1.02	2810	0.07	3229	0.08
Spike_G1219V	395	0.96	7667	0.18	8062	0.19
Spike_D178H	311	0.75	1697	0.04	2008	0.05
Spike_S939F	310	0.75	8172	0.19	8482	0.20
Spike_S640F	300	0.73	6170	0.15	6470	0.15
Spike_N1074S	213	0.52	17981	0.42	18194	0.43

Observação: Dados atualizados em 03/03/2022

Tabela 4. Frequência de mutações novas (não características) na Spike da VOC Delta no Brasil e no mundo referentes aos últimos 90 dias de amostragem. Destacamos mutações presentes em mais de 0.5% e menos de 95% dos genomas desta variante.

Mutação	N Brasil	Frequência Brasil	N Mundo sem Brasil	Frequência Mundo sem Brasil	N Mundo	Frequência Mundo
Spike_E156G	6273	89.79	870937	93.45	877210	93.43
Spike_R158del	6273	89.79	872502	93.62	878775	93.59
Spike_G142D	1670	23.90	746843	80.14	748513	79.72
Spike_T95I	1146	16.40	426738	45.79	427884	45.57
Spike_Q677H	564	8.07	11019	1.18	11583	1.23
Spike_L1265F	508	7.27	2928	0.31	3436	0.37
Spike_D178H	200	2.86	782	0.08	982	0.10
Spike_V1264L	170	2.43	28707	3.08	28877	3.08
Spike_L5F	127	1.82	16492	1.77	16619	1.77
Spike_S939F	115	1.65	3056	0.33	3171	0.34
Spike_G1219V	102	1.46	1480	0.16	1582	0.17
Spike_A222V	93	1.33	103779	11.14	103872	11.06
Spike_Q613H	63	0.90	12997	1.39	13060	1.39
Spike_R246I	56	0.80	56	0.01	112	0.01
Spike_L18F	54	0.77	7366	0.79	7420	0.79
Spike_V1104L	54	0.77	13962	1.50	14016	1.49
Spike_E484Q	53	0.76	5480	0.59	5533	0.59
Spike_E583D	52	0.74	1294	0.14	1346	0.14
Spike_D138Y	51	0.73	1184	0.13	1235	0.13
Spike_A688V	48	0.69	2960	0.32	3008	0.32
Spike_N440K	48	0.69	86	0.01	134	0.01
Spike_G446V	46	0.66	3203	0.34	3249	0.35
Spike_T572I	43	0.62	4679	0.50	4722	0.50
Spike_P812L	41	0.59	2406	0.26	2447	0.26
Spike_T208M	37	0.53	456	0.05	493	0.05

Observação: Dados atualizados em 10/02/2022

Tabela 5. Detalhamento dos casos confirmados de reinfecção com primeira e segunda amostras sequenciadas. Para mais informações sobre o genoma, acessar pelo código de acesso no GISAID.

Caso	Nome do vírus	Intervalo entre as datas de coletas das duas amostras	Data da coleta	GISAID	Linhagem	Desfecho clínico
1	hCoV-19/Brazil/PB-FIOCRUZ-23854-R1/2020	112	23/06/2020	EPI_ISL_792561	B.1.1.33	Cura, sem complicações, sem internação
	hCoV-19/Brazil/PB-FIOCRUZ-23855-R2/2020		13/10/2020	EPI_ISL_792562	P.2	Cura, sem complicações, sem internação
2	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-33864-R1/2020	162	14/09/2020	EPI_ISL_3061901	B.1.1.28	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-11195/2021		23/02/2021	EPI_ISL_1534003	Gama P.1	Sem informação
3	hCoV-19/Brazil/ES-FIOCRUZ-33961-R1/2020	93	09/12/2020	EPI_ISL_3061879	B.1.1.33	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/ES-FIOCRUZ-16403/2021		12/03/2021	EPI_ISL_2645521	Gama P.1	Sem informação
4	hCoV-19/Brazil/PR-FIOCRUZ-33964-R1/2020	150	02/10/2020	EPI_ISL_3061893	B.1.1.28	Cura, sem complicações, sem internação
	hCoV-19/Brazil/PR-FIOCRUZ-16726-R2/2021		01/03/2021	EPI_ISL_3061892	Gama P.1	Caso assintomático, sem complicações
5	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-34070-R1/2020	219	12/08/2020	EPI_ISL_2196360	B.1.1.28	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-20618-R2/2021		19/03/2021	EPI_ISL_2196250	Gama P.1	Sem informação
6	hCoV-19/Brazil/PR-FIOCRUZ-34071-R1/2020	286	18/06/2020	EPI_ISL_2196362	B.1.1.28	1 evento: precisou de internação
	hCoV-19/Brazil/PR-FIOCRUZ-21069-R2/2021		31/03/2021	EPI_ISL_2196252	Gama P.1	2 evento: quadro leve, sem internação
7	hCoV-19/Brazil/RJ-FIOCRUZ-1691-R1/2020	387	08/04/2020	EPI_ISL_2196361	B.1.1.33	Caso brando, sem complicações

	hCoV-19/Brazil/RJ-FIOCRUZ-21373-R2/2021		30/04/2021	EPI_ISL_2196251	Gama P.1	Caso brando, sem complicações
8	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-34078-R1/2020	192	25/09/2020	EPI_ISL_2196357	B.1.1.28	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-22230-R2/2021		05/04/2021	EPI_ISL_2196249	Gama P.1	Sem informação
9	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-34157-R1/2020	150	26/10/2020	EPI_ISL_3061902	B.1.1.33	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-25336-R2/2021		25/03/2021	EPI_ISL_3061900	Gama P.1.2	Sem informação
10	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-34264-R1/2020	327	10/07/2020	EPI_ISL_4563059	B1.1.28	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-33117-R2/2021		02/06/2021	EPI_ISL_4563061	Gama P.1	Sem informação
11	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-49469-R1/2021	211	18/01/2021	EPI_ISL_4563063	P.2	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-49468-R2/2021		31/08/2021	EPI_ISL_4563065	Delta B.1.617.2	Sem informação
12	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-34449-R1/2020	438	06/08/2020	EPI_ISL_7456227	B.1.1.33	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-58871-R2/2021		18/10/2021	EPI_ISL_7456225	Delta AY.101	Sem informação
13	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-58807-R1/2021	259	10/02/2021	EPI_ISL_7661110	N.9	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-58808-R2/2021		27/10/2021	EPI_ISL_7456213	Delta AY.99.2	Sem informação
14	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-34448-R1/2020	307	28/11/2020	EPI_ISL_8325216	P.2	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-58804-R2/2021		01/10/2021	EPI_ISL_8325215	Delta AY.99.2	Sem informação
15	hCoV-19/Brazil/RJ-FIOCRUZ-45364-R1/2021	139	17/08/2021	EPI_ISL_3832388	Delta AY.4	Cura, sem complicações
	hCoV-19/Brazil/RJ-FIOCRUZ-00003-R2/2022		03/01/2022	EPI_ISL_8633894	Omicron BA.1	Cura, sem complicações
16	hCoV-19/Brazil/PR-FIOCRUZ-33811-R1/2020	254	15/06/2020	EPI_ISL_4880350	B.1.1.28	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/PR-FIOCRUZ-9319-R2/2021		24/02/2021	EPI_ISL_4880332	P.2	Sem informação

17	hCoV-19/Brazil/RJ-FIOCRUZ-14542-R1/2021	292	26/03/2021	EPI_ISL_7111345	B.1.1.7	Cura, sem complicações
	hCoV-19/Brazil/RJ-FIOCRUZ-1314-R2/2022		12/01/2022	EPI_ISL_9571655	Omicron BA.1	Cura, sem complicações
18	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-34450-R1/2020	626	24/04/2020	EPI_ISL_10657104	B.1.1.28	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-4334-R2/2022		10/01/2022	EPI_ISL_10657110	Omicron BA.1	Sem informação
19	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-34451-R1/2020	552	09/07/2020	EPI_ISL_10657105	B.1.1.28	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-4335-R2/2022		12/01/2022	EPI_ISL_10657111	Omicron BA.1	Sem informação
20	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-34452-R1/2020	416	16/11/202	EPI_ISL_10657106	P.2	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-5563-R2/2022		06/01/2022	EPI_ISL_10657143	Omicron BA.1	Sem informação
21	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-67126-R1/2021	365	26/01/2021	EPI_ISL_10657149	P.2	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-5565-R2/2022		26/01/2022	EPI_ISL_10657144	Omicron BA.1	Sem informação
22	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-67127-R1/2021	330	09/02/2021	EPI_ISL_10657150	P.1	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-5566-R2/2022		05/01/2022	EPI_ISL_10657145	Omicron BA.1	Sem informação
23	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-67065-R1/2021	326	01/03/2021	EPI_ISL_10657146	P.2	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-4330-R2/2022		21/01/2022	EPI_ISL_10657107	Omicron BA.1	Sem informação
24	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-67066-R1/2021	326	01/03/2021	EPI_ISL_10657147	P.2	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-4331-R2/2022		21/01/2022	EPI_ISL_10657108	Omicron BA.1	Sem informação
25	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-67067-R1/2021	326	01/03/2021	EPI_ISL_10657148	P.2	Sem informação
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-4332-R2/2022		21/01/2022	EPI_ISL_10657109	Omicron BA.1	Sem informação
26	hCoV-19/Brazil/AM-FIOCRUZ-20140055FN-R1/2020	282	2020-03-24	EPI_ISL_811148	B.1.195	Cura, sem complicações
	hCoV-19/Brazil/AM-FIOCRUZ-20143138FN-R		2020-12-30	EPI_ISL_811149	Gama	Cura, sem

	2/2020				P.1	complicações
27	hCoV-19/Brazil/AM-FIOCRUZ-20140452MJ-R1/2020	283	2020-04-22	EPI_ISL_1034305	B.1.195	Cura, sem complicações
	hCoV-19/Brazil/AM-FIOCRUZ-21140646MJ-R2/2021		2021-01-29	EPI_ISL_1034306	Gama P.1	Cura, sem complicações
28	hCoV-19/Brazil/AM-FIOCRUZ-20142223MR-R1/2020	93	2020-10-19	EPI_ISL_1114151	B.1.1	Cura, sem complicações
	hCoV-19/Brazil/AM-FIOCRUZ-21140415MR-R2/2021		2021-01-19	EPI_ISL_1034304	Gama P.1	Cura, sem complicações

Tabela 6. Detalhamento da linhagem da segunda amostra referente a o potencial caso de reinfeção. Mais informações sobre o genoma acessar pelo código de acesso no GISAID.

Caso	Nome do vírus	Intervalo entre as datas de coletas das duas amostras	Data da coleta	GISAID	Linhagem
1	n/a *	211	26/04/2020	n/a	n/a
	hCoV-19/Brazil/AL-FIOCRUZ-28875/2020		23/11/2020	EPI_ISL_792641	B.1.1.372
2	n/a *	164	23/11/2020	n/a	n/a
	hCoV-19/Brazil/AL-FIOCRUZ-28258/2020		06/05/2021	EPI_ISL_792640	B.1.1.133
3	n/a *	189	29/05/2020	n/a	n/a
	hCoV-19/Brazil/AL-FIOCRUZ-30270/2020		04/12/2020	EPI_ISL_792642	P.2
4	n/a *	147	01/06/2020	n/a	n/a
	hCoV-19/Brazil/BA-FIOCRUZ-33640-1P/2020		26/10/2020	EPI_ISL_2491752	P.2
5	n/a *	128	01/07/2020	n/a	n/a
	hCoV-19/Brazil/BA-FIOCRUZ-33766/2020		06/11/2020	EPI_ISL_2491731	B.1.1.28
6	n/a *	110	07/10/2020	n/a	n/a
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-9703/2021		25/01/2021	EPI_ISL_2677135	P.2

7	n/a *	196	14/08/2020	n/a	n/a
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-11194/2021		26/02/2021	EPI_ISL_1534007	P.1
8	n/a *	111	12/01/2021	n/a	n/a
	hCoV-19/Brazil/AL-FIOCRUZ-24161/2021		03/05/2021	EPI_ISL_2466231	P.1
9	n/a *	269	04/08/2020	n/a	n/a
	hCoV-19/Brazil/SC-FIOCRUZ-30634/2021		30/04/2021	EPI_ISL_2731507	B.1.1.7

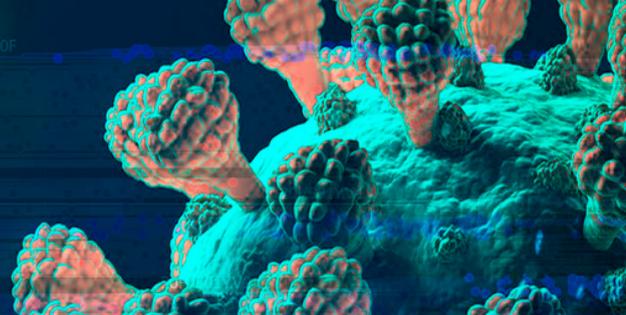
*Amostra confirmada por PCR em Tempo Real, mas sem êxito no sequenciamento para confirmação da identidade. Desta forma, não é possível confirmar a reinfeção.

Tabela 7. Iniciativas de Capacitação de Colaboradores realizadas pela Rede Genômica Fiocruz desde o princípio do projeto. (Dados atualizados no dia 09/12/2021).

Colaborador	Instituição	Treinamento	Período	Unidade Responsável
ALLAN CHARLES PEREIRA	Laboratório de Fronteira - Tabatinga / AM	DETECÇÃO DE VOCS DO SARS-CoV-2 POR PCR EM TEMPO REAL	11-13 agosto de 2021	FIOCRUZ-AM
HERTON AUGUSTO PINHEIRO DANTAS	Laboratório de Fronteira - Tabatinga / AM	DETECÇÃO DE VOCS DO SARS-CoV-2 POR PCR EM TEMPO REAL	11-13 agosto de 2021	FIOCRUZ-AM
KAYSER ROGÉRIO OLIVEIRA DA SILVA	Laboratório de Fronteira - Tabatinga / AM	DETECÇÃO DE VOCS DO SARS-CoV-2 POR PCR EM TEMPO REAL	11-13 agosto de 2021	FIOCRUZ-AM
MARCELO FERREIRA DOS SANTOS	Laboratório de Fronteira - Tabatinga / AM	DETECÇÃO DE VOCS DO SARS-CoV-2 POR PCR EM TEMPO REAL	11-13 agosto de 2021	FIOCRUZ-AM
VLADIMIR COSTA SILVA	FIOCRUZ/PI	PREPARO DE BIBLIOTECAS DE SARS-CoV-2 E OPERAÇÃO DO MiSeq	16-20 agosto de 2021	Instituto Aggeu Magalhães FIOCRUZ/PE
JÉSSICA GRAÇA DE MACEDO CARVALHO	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional	TREINAMENTO NGS ILLUMINA EXTRAÇÃO DE RNA	01-13 setembro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional
BRUNA MENDONÇA DA SILVA	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional	TREINAMENTO NGS ILLUMINA EXTRAÇÃO DE RNA	15-28 setembro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência

				Nacional
ADRIANA FELICIANO ALVES DURAN	UNIVERSIDADE FEDERAL DO ABC (UFABC) E FUNDAÇÃO PARQUE TECNOLÓGICO ITAIPU (PTI)	SEQUENCIAMENTO GENÔMICO DE SARS-CoV-2 (metodologia: Sequenciamento por síntese Plataforma Illumina)	20-24 setembro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional
JAQUELINE BAIL	FUNDAÇÃO PARQUE TECNOLÓGICO ITAIPU (PTI)	SEQUENCIAMENTO GENÔMICO DE SARS-CoV-2 (metodologia: Sequenciamento por síntese Plataforma Illumina)	20-24 setembro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional
DEUSILENE SOUZA VIEIRA DALL'ACQUA	FIOCRUZ/RO	PREPARO DE BIBLIOTECAS DE SARS-CoV-2 E OPERAÇÃO DO MiSeq	21-24 setembro de 2021	Instituto Aggeu Magalhães FIOCRUZ/PE
ALCIONE DE OLIVEIRA DOS SANTOS	FIOCRUZ/RO	PREPARO DE BIBLIOTECAS DE SARS-CoV-2 E OPERAÇÃO DO MiSeq	21-24 setembro de 2021	Instituto Aggeu Magalhães FIOCRUZ/PE
LARISSA MACEDO PINTO	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional	TREINAMENTO NGS ILLUMINA EXTRAÇÃO DE RNA	06-13 outubro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional
BRUNA AMARAL LAPINSKI	UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ	SEQUENCIAMENTO GENÔMICO DE SARS-CoV-2 (metodologia: Sequenciamento por síntese Plataforma Illumina)	18-26 outubro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional
VALTER ANTÔNIO DE BAURA	UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ	SEQUENCIAMENTO GENÔMICO DE SARS-CoV-2 (metodologia: Sequenciamento por síntese Plataforma Illumina)	18-26 outubro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional
ALLAN ROBERTO DIAS NUNES	UFRN CAMPUS SANTA CRUZ (FACISA)	SEQUENCIAMENTO GENÔMICO DE SARS-CoV-2 (metodologia: Sequenciamento por síntese Plataforma Illumina)	25-29 outubro 2021	Instituto Aggeu Magalhães FIOCRUZ/PE
ANA CAROLINA BERNARDES DULGHEROFF	UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA	TREINAMENTO NGS	08-12 novembro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional
PEDRO MESQUITA FONSECA	UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA (UFSM) - CAMPUS PALMEIRA DAS MISSÕES	SEQUENCIAMENTO GENÔMICO DE SARS-CoV-2 (metodologia: Sequenciamento por síntese Plataforma Illumina)	01-10 dezembro 2021	Instituto Aggeu Magalhães FIOCRUZ/PE
TERIMAR RUOSO MORESCO	UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA (UFSM) - CAMPUS PALMEIRA DAS MISSÕES	SEQUENCIAMENTO GENÔMICO DE SARS-CoV-2 (metodologia: Sequenciamento por síntese Plataforma Illumina)	01-10 dezembro 2021	Instituto Aggeu Magalhães FIOCRUZ/PE
THAIS DE OLIVEIRA COSTA	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Módulos analíticos adicionais de técnicas de rt-PCR aplicadas a investigação de SARS-CoV-2 e controle de qualidade genômico	23 de Outubro 2021	FIOCRUZ/CE

JOAQUIM CESAR SOUSA JUNIOR	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Módulos analíticos adicionais de técnicas de rt-PCR aplicadas a investigação de SARS-CoV-2 e controle de qualidade genômico	23 de Outubro 2021	FIOCRUZ/CE
JAMILLE MENDES BEZERRA	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Módulos analíticos adicionais de técnicas de rt-PCR aplicadas a investigação de SARS-CoV-2 e controle de qualidade genômico	23 de Outubro 2021	FIOCRUZ/CE
TICIANE CAVALCANTE DE SOUZA	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Módulos analíticos adicionais de técnicas de rt-PCR aplicadas a investigação de SARS-CoV-2 e controle de qualidade genômico	23 de Outubro 2021	FIOCRUZ/CE
ANAMARIA PEREIRA FALCÃO	Laboratório de Biologia Molecular, CENTRO DE HEMATOLOGIA E HEMOTERAPIA DO CEARÁ	Módulos analíticos adicionais de técnicas de rt-PCR aplicadas a investigação de SARS-CoV-2 e controle de qualidade genômico	23 de Outubro 2021	FIOCRUZ/CE
AURILENE CAJADO	Laboratório de Biologia Molecular, CENTRO DE HEMATOLOGIA E HEMOTERAPIA DO CEARÁ	Módulos analíticos adicionais de técnicas de rt-PCR aplicadas a investigação de SARS-CoV-2 e controle de qualidade genômico	23 de Outubro 2021	FIOCRUZ/CE
MAISA PESSOA PINHEIRO	Laboratório de Biologia Molecular, CENTRO DE HEMATOLOGIA E HEMOTERAPIA DO CEARÁ	Módulos analíticos adicionais de técnicas de rt-PCR aplicadas a investigação de SARS-CoV-2 e controle de qualidade genômico	23 de Outubro 2021	FIOCRUZ/CE
IGOR OLIVEIRA DUARTE	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Estratégias analíticas e de controle de qualidade de dados genômicos de SARS-CoV-2	17 dezembro 2021	FIOCRUZ/CE ILMD FIOCRUZ/AM
PEDRO MIGUEL JERÔNIMO	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Estratégias analíticas e de controle de qualidade de dados genômicos de SARS-CoV-2	17 dezembro 2021	FIOCRUZ/CE ILMD FIOCRUZ/AM
SUZANA PORTO ALMEIDA	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Estratégias analíticas e de controle de qualidade de dados genômicos de SARS-CoV-2	17 dezembro 2021	FIOCRUZ/CE ILMD FIOCRUZ/AM
THAIS DE OLIVEIRA COSTA	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Estratégias analíticas e de controle de qualidade de dados genômicos de SARS-CoV-2	17 dezembro 2021	FIOCRUZ/CE ILMD FIOCRUZ/AM
CLEBER FURTADO AKSENEN	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Estratégias analíticas e de controle de qualidade de dados genômicos de SARS-CoV-2	17 dezembro 2021	FIOCRUZ/CE ILMD FIOCRUZ/AM
JOAQUIM CESAR SOUSA JUNIOR	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Estratégias analíticas e de controle de qualidade de dados genômicos de SARS-CoV-2	17 dezembro 2021	FIOCRUZ/CE ILMD FIOCRUZ/AM
JAMILLE MENDES BEZERRA	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Estratégias analíticas e de controle de qualidade de dados genômicos de SARS-CoV-2	17 dezembro 2021	FIOCRUZ/CE ILMD FIOCRUZ/AM



THAIS FERREIRA DE OLIVEIRA	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Estratégias analíticas e de controle de qualidade de dados genômicos de SARS-CoV-2	17 dezembro 2021	FIOCRUZ/CE ILMD FIOCRUZ/AM
TICIANE CAVALCANTE DE SOUZA	FIOCRUZ/CE, Rede de Vigilância Genômica	Estratégias analíticas e de controle de qualidade de dados genômicos de SARS-CoV-2	17 dezembro 2021	FIOCRUZ/CE ILMD FIOCRUZ/AM
NATALIA VALENTE DA SILVA	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Vírus Respiratório e Sarampo	TREINAMENTO NB3 - Biossegurança, paramentação e desparamentação de EPI, limpeza dos equipamentos e espaço de trabalho, autoclavagem de material biológico e infecção viral	01 Fevereiro a 31 dezembro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional
VICTOR GUIMARÃES RIBEIRO	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Vírus Respiratório e Sarampo	TREINAMENTO NGS ILLUMINA	08-12 novembro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional
MATHEUS FILGUEIRA BEZERRA	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
ELISA CAVALCANTE PEREIRA	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Vírus Respiratório e Sarampo	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
TAINÁ VENAS	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Vírus Respiratório e Sarampo	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
MIORANE	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
PEDRO GONDIM DA SILVEIRA	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
THAIS SILVA	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
TULIO CAMPOS	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
LUCIANA FÉ	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
TIAGO GRÄF	FIOCRUZ/BA Instituto Gonçalo Moniz	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães

ANTONIO MARINHO DA SILVA NETO	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
CLEBER FURTADO AKSENEEN	FIOCRUZ/CE	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
SUZANA PORTO ALMEIDA	FIOCRUZ/CE	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
FELIPE GOMES NAVECA	FIOCRUZ/AM Instituto Leônidas e Maria Deane	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
VICTOR SOUZA	FIOCRUZ/AM Instituto Leônidas e Maria Deane	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
PEDRO AUGUSTO ALVES	FIOCRUZ/MG Instituto René Rachou	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
ANTONIO RICARDO KHOURI CUNHA	FIOCRUZ/BA Instituto Gonçalo Moniz	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
VLADIMIR COSTA SILVA	FIOCRUZ/PI	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
GABRIEL DA ROCHA FERNANDES	FIOCRUZ/MG Instituto René Rachou	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
ANNA CAROLINA DIAS DA PAIXÃO	FIOCRUZ/RJ Instituto Oswaldo Cruz	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
FRANCYS RANGEL	FIOCRUZ/BA Instituto Gonçalo Moniz	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
FERNANDO DO COUTO MOTTA	FIOCRUZ/RJ Instituto Oswaldo Cruz	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
NADSON WILLIAM FELIPE GASPARELO	FIOCRUZ/RO	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
VITOR HUGO MARTINS	FIOCRUZ/RJ Instituto Oswaldo Cruz	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães

PEDRO CARNEIRO	FIOCRUZ/CE	Treinamento "Hands On" ViralFlow	30 Setembro 2021	FIOCRUZ/PE Instituto Aggeu Magalhães
JÉSSICA SANTA CRUZ DE CARVALHO MARTINS	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Vírus Respiratório e Sarampo	TREINAMENTO NB3 - Biossegurança, paramentação e desparamentação de EPI, limpeza dos equipamentos e espaço de trabalho, autoclavagem de material biológico e infecção viral	01 Fevereiro a 31 dezembro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional
ANA BEATRIZ MACHADO LIMA	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Vírus Respiratório e Sarampo	TREINAMENTO NB3 - Biossegurança, paramentação e desparamentação de EPI, limpeza dos equipamentos e espaço de trabalho, autoclavagem de material biológico e infecção viral	01 Fevereiro a 31 dezembro 2021	FIOCRUZ/RJ Laboratório de Referência Nacional