



**Informe Semanal nº16 de
Evidências sobre
Variantes de Atenção de
SARS-CoV-2**

DECIT/SCTIE/MS

2 de junho de 2021



2021 Ministério da Saúde

Esta obra é disponibilizada nos termos da Licença Creative Commons – Atribuição – Não Comercial – Sem Derivações 4.0 Internacional. É permitida a reprodução parcial ou total dessa obra, desde que citada a fonte.

A coleção institucional do Ministério da Saúde pode ser acessada, na íntegra, no site do Ministério da Saúde: www.saude.gov.br.

Tiragem: 1ª edição – 2020 – versão eletrônica.

Elaboração, distribuição e informações:

MINISTÉRIO DA SAÚDE

Secretaria de Ciência, Tecnologia, Inovação e Insumos Estratégicos em Saúde

Departamento de Ciência e Tecnologia

Esplanada dos Ministérios, Bloco G, Edifício Sede, Sobreloja

CEP: 70.058-900 – Brasília/DF Tels.: (61) 3315-8975

Site: www.saude.gov.br/sctie

E-mail: genbr@saude.gov.br

Supervisão geral e organização:

Augusto Barbosa Júnior – DECIT/SCTIE/MS

Alessandra de Sá Earp Siqueira – DECIT/SCTIE/MS

Elaboração e Revisão:

Alef Janguas da Costa – DECIT/SCTIE/MS

Augusto Barbosa Júnior – DECIT/SCTIE/MS

Amanda Nogueira Brum Fontes – DECIT/SCTIE/MS

Graziella Santana Feitosa Figueiredo – DECIT/SCTIE/MS

Juliana Peixoto Treptow – DECIT/SCTIE/MS

Rodrigo Theodoro Rocha – DECIT/SCTIE/MS

Projeto gráfico, diagramação e figuras:

Alef Janguas da Costa – DECIT/SCTIE/MS

Augusto Barbosa Júnior – DECIT/SCTIE/MS

Rodrigo Theodoro Rocha – DECIT/SCTIE/MS

Ficha Catalográfica

Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Ciência, Tecnologia, Inovação e Insumos Estratégicos em Saúde. Departamento de Ciência e Tecnologia.

Informe Semanal nº 16 de Evidências sobre Variantes de Atenção de SARS-CoV-2 [recurso eletrônico] / Ministério da Saúde. Secretaria de Ciência, Tecnologia, Inovação e Insumos Estratégicos em Saúde. Departamento de Ciência e Tecnologia - Brasília: Ministério da Saúde, 2021.

56 p: il.

1. SARS-CoV-2 2. Variantes de atenção - VOCs 3. Política pública

Sumário

1	Apresentação	3
2	Contextualização	3
3	Variantes circulantes	6
3.1	Cenário Mundial	6
3.2	Cenário Brasileiro	7
4	Variantes de Preocupação	9
4.1	Variante VOC 202012/01, linhagem B.1.1.7	9
4.1.1	Identificação, distribuição e características	9
4.1.2	Transmissibilidade	10
4.1.3	Severidade e manifestações clínicas	12
4.1.4	Imunidade, reinfecção e vacinação	14
4.2	Variante 501Y.V2, linhagem B.1.351	17
4.2.1	Identificação, distribuição e características	17
4.2.2	Transmissibilidade	18
4.2.3	Imunidade, reinfecção e vacinação	18
4.3	Variante P.1, linhagem B.1.1.28.1	24
4.3.1	Transmissibilidade	25
4.3.2	Severidade e manifestações clínicas	27
4.3.3	Imunidade, infecção e vacinação	27

4.4	Variantes da linhagem B.1.617	30
4.4.1	Transmissibilidade	31
4.4.2	Severidade e manifestações clínicas	31
4.4.3	Imunidade, infecção e vacinação	32
4.5	Outras variantes de atenção para a saúde pública	32
4.5.1	Variante P.2, linhagem B.1.1.28.2	33
Referências		34

1 Apresentação

O Informe Semanal de Evidências sobre Variantes de Atenção do SARS-CoV-2 é uma produção organizada pelo Departamento de Ciência e Tecnologia da Secretaria de Ciência, Tecnologia, Inovação e Insumos Estratégicos em Saúde do Ministério da Saúde (DECIT/SCTIE/MS). O documento tem o objetivo de acompanhar e relatar as mais recentes evidências descritas em publicações científicas e na literatura cinzenta sobre as principais variantes de SARS-CoV-2 circulantes no Brasil e no mundo, bem como as implicações destas para a saúde. Para tanto, são realizadas buscas estruturadas em bases de dados de indexação de periódicos científicos revisados pelos pares, de artigos no formato pré-print e de literatura cinzenta. Este informe tem caráter unicamente informativo e não representa uma recomendação oficial do MS sobre a temática. Os trechos destacados em *itálico* no corpo do texto consistem em novas informações publicadas no período de 24 a 30 de maio de 2021. Os demais trechos são referentes a informações já fornecidas em Informes anteriores.

2 Contextualização

A pandemia causada pelo novo coronavírus (SARS-CoV-2) suscita inúmeros desafios para os sistemas de saúde e relevantes impactos socioeconômicos em escala global. *Segundo informações da Organização Mundial de Saúde (OMS), até a data de elaboração deste informe (13 de maio de 2021), o mundo registrou mais de 164,41 milhões de casos confirmados de Covid-19 e acima de 3,4 milhões de óbitos relacionados à doença, o que configura a maior e mais desafiadora crise mundial de saúde pública já enfrentada [1]. No Brasil já foram notificados mais de 15,81 milhões de casos e 441,69 mil óbitos pela doença [2].*

Como esperado para um vírus de RNA, o SARS-CoV-2 sofre um acúmulo natural, espontâneo e

contínuo de mutações, que são mudanças na sequência de nucleotídeos do genoma. As mutações no genoma do vírus de RNA podem ocorrer por meio de três mecanismos principais, sendo eles: (a) ocorrência de erros durante o processo de replicação do genoma; (b) recombinação ou rearranjo com o material genético de outros vírus que coinfetam a mesma célula; e (c) indução por sistemas de modificação de RNA do hospedeiro como parte de sua resposta imunológica. Destaca-se que a maioria das mutações é irrelevante, podendo algumas destas, inclusive, configurar pressão seletiva negativa para o vírus. Entretanto, algumas mutações podem conferir vantagens seletivas positivas, como maior transmissibilidade e escape da resposta imunológica do hospedeiro.

As variantes virais surgem quando determinadas mutações se fixam e começam a ser disseminadas. Desta forma, o vírus original (ancestral) pode ter inúmeras variantes, cada uma com um grupo distinto de mutações. Já a linhagem é caracterizada como um conjunto de variantes que se diferenciam entre si e organizam-se em ramos, a partir de um vírus ancestral comum. Rambault e colaboradores, em uma publicação no periódico científico *Nature Microbiology* em julho de 2020, propuseram um sistema de classificação em linhagens, tendo como base grandes ramos que receberam a denominação de letras do alfabeto (A, B, C, D, etc), de acordo com o vírus ancestral [3]. Assim, à medida que diferenciações genéticas aliadas às evidências epidemiológicas surjam dentro de cada grande ramo, novas linhagens são designadas (e.g. A.1, A.2, B.1, B.1.1) (Figura 1).

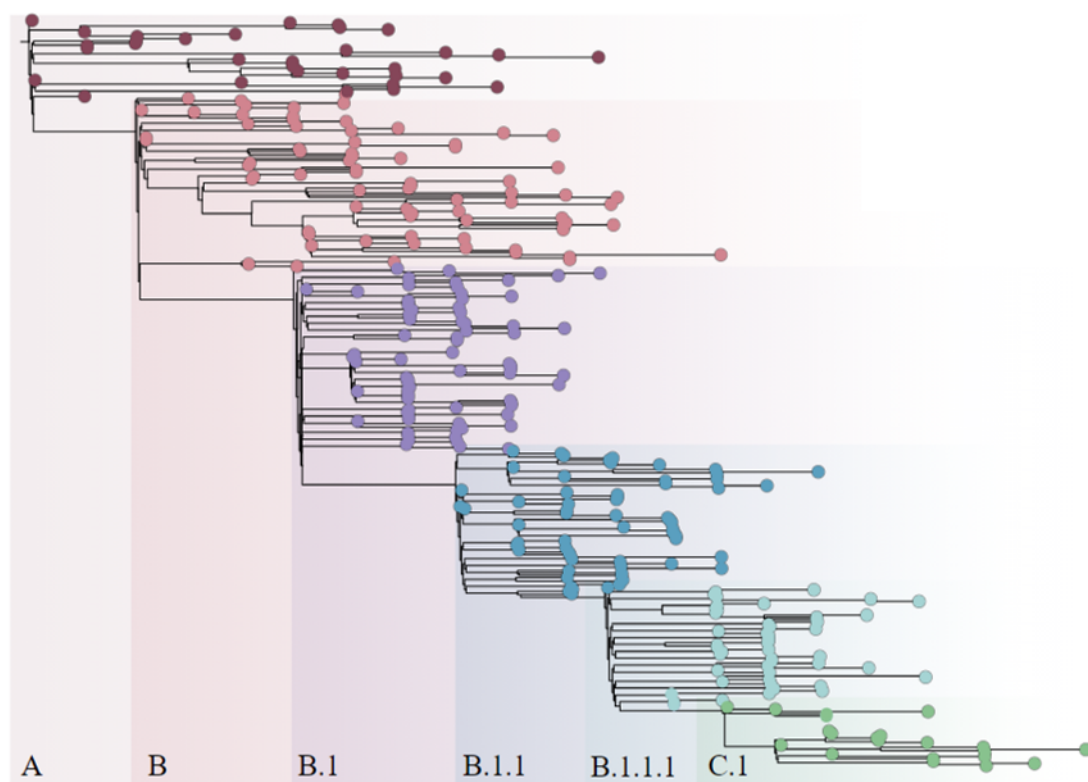


Figura 1: Sistema hierárquico de classificação de Rambaut representando a evolução das linhagens virais e suas ramificações (Fonte: [4]). .

Considerando-se que em uma pandemia milhões de pessoas são infectadas em diferentes locais do mundo, infere-se que o processo evolutivo do vírus culminará no surgimento de diversas variantes e linhagens. Por este motivo, a vigilância epidemiológica e genômica são cruciais para o rastreamento do caminho que um vírus percorreu até chegar em uma determinada localidade. Essa estratégia também revela os impactos das mutações virais em relação à transmissibilidade, ao contágio e ao escape da resposta imunológica do hospedeiro. Além disso, a caracterização genômica em larga escala, como a realizada para SARS-CoV-2, sem precedentes na história da humanidade, permitirá a identificação dos perfis de dispersão e as consequências das variantes de preocupação ou atenção (VOCs, do inglês variants of concern).

Este informe apresenta informações sumarizadas da literatura técnico-científica e cinzenta sobre as características, dispersão e o impacto das mutações das VOCs e das variantes sob investigação (VUIs, do inglês variants under investigation) de SARS-CoV-2 com o intuito de auxiliar a tomada de decisão baseada em evidência. As variantes sob investigação são as que possuem mutações com potencial para conferir vantagens seletivas, como maior patogenicidade. Quando a investigação científica gera evidência sobre a vantagem seletiva propiciada pelas mutações da VUI, esta é então designada como VOC.

3 Variantes circulantes

3.1 Cenário Mundial

Desde o surgimento do SARS-CoV-2, foram identificadas 1.520 variantes circulantes no mundo por meio do sequenciamento do genoma viral [4]. Algumas destas estão sob a vigilância de inúmeros países, devido, principalmente, à possível relação com os aumentos repentinos de novos casos, a severidade da doença e os efeitos prejudiciais sobre a eficácia das vacinas disponíveis e em desenvolvimento. Atualmente, quatro linhagens virais foram definidas como VOCs, já que as mutações presentes nestas potencialmente conferem vantagens seletivas ao SARS-CoV-2.

3.2 Cenário Brasileiro

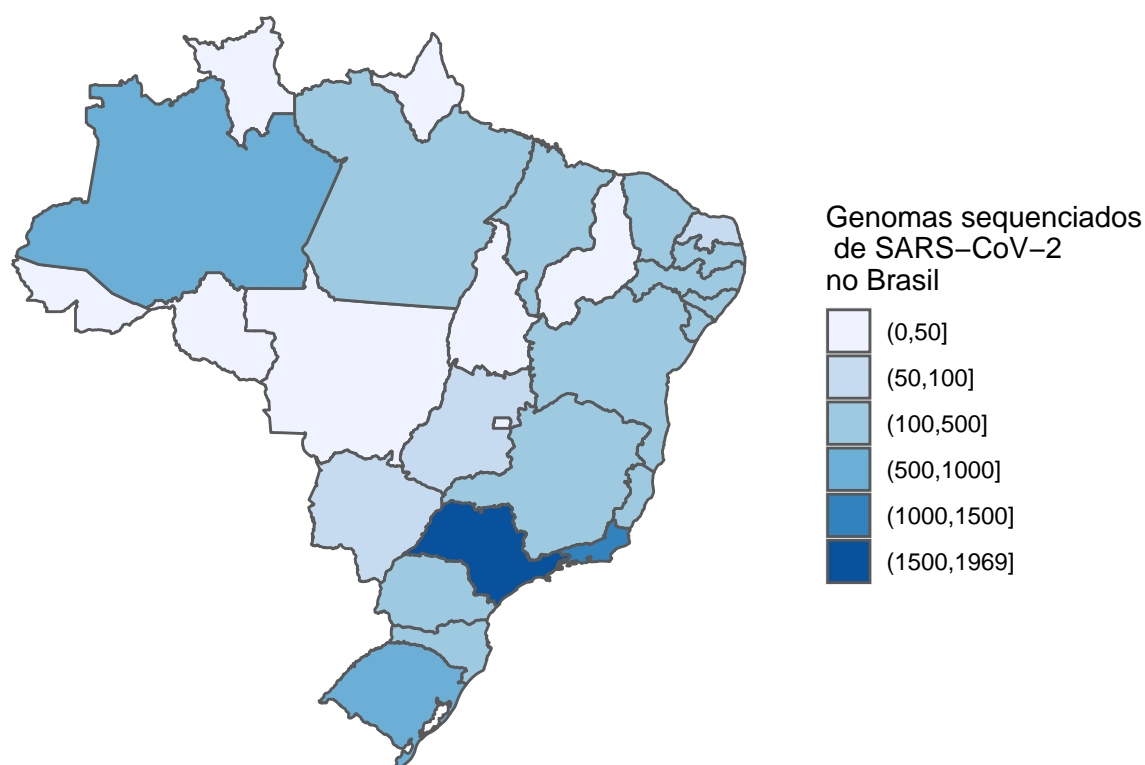


Figura 2: Quantidade de genomas de SARS-CoV-2 sequenciados no Brasil de acordo com o local de coleta da amostras (Fonte: Tabela Genomahcov - Fiocruz [5]).

No Brasil, 30 diferentes linhagens do SARS-CoV-2 foram identificadas circulando no estado de São Paulo [5]. À medida que mais genomas são sequenciados, observa-se uma mudança temporal na prevalência de circulação das linhagens de SARS-CoV-2 no país (Figura 3). Embora o Brasil tenha realizado o sequenciamento de uma quantidade reduzida de genomas completos de SARS-CoV-2 ($n=15.403$, Figura 2), observa-se que a linhagem predominante no país é a P.1 (84,9% dos genomas sequenciados), seguida por B.1.1.28 (6,3% dos genomas sequenciados), outras linhagens (5,4% dos genomas sequenciados) e B.1.1.7 (3,4% dos genomas sequenciados) (Figura 3).

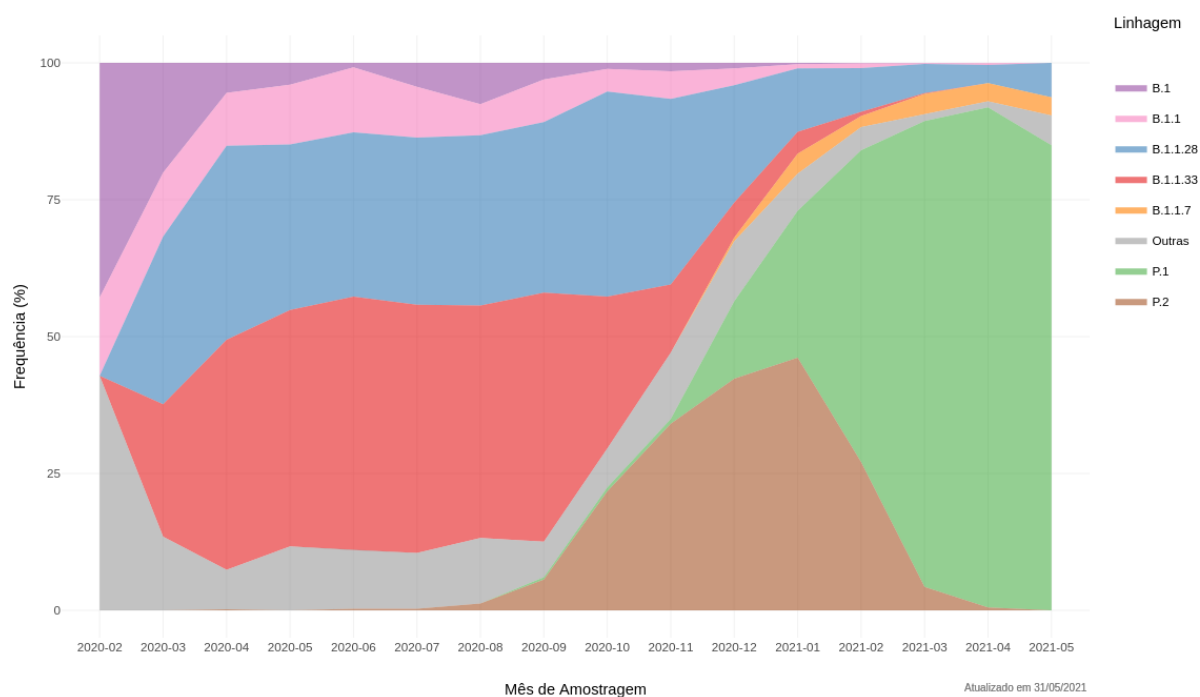


Figura 3: Evolução temporal da frequência de circulação das linhagens de SARS-CoV-2 em território brasileiro (Fonte: Genomahcov - Fiocruz [5]).

4 Variantes de Preocupação

4.1 Variante VOC 202012/01, linhagem B.1.1.7

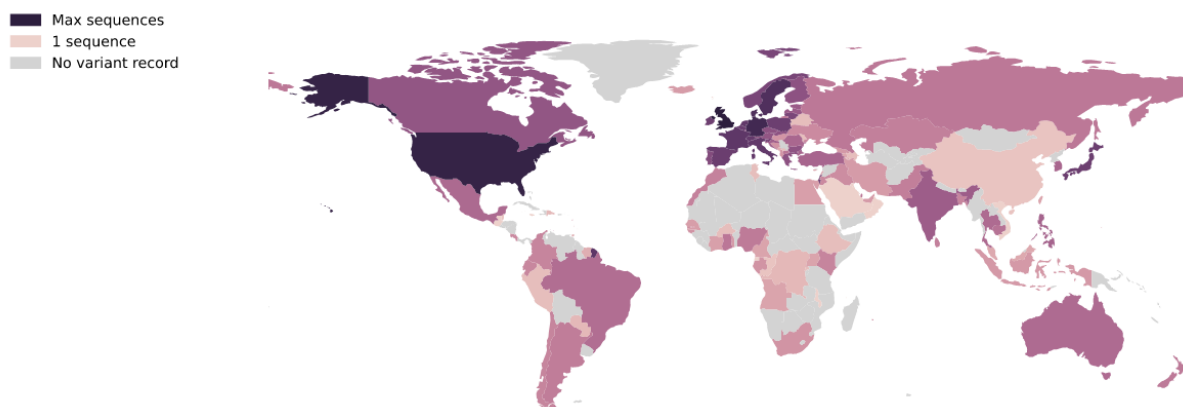


Figura 4: Distribuição mundial da linhagem B.1.1.7 (Fonte: [4]).

4.1.1 Identificação, distribuição e características

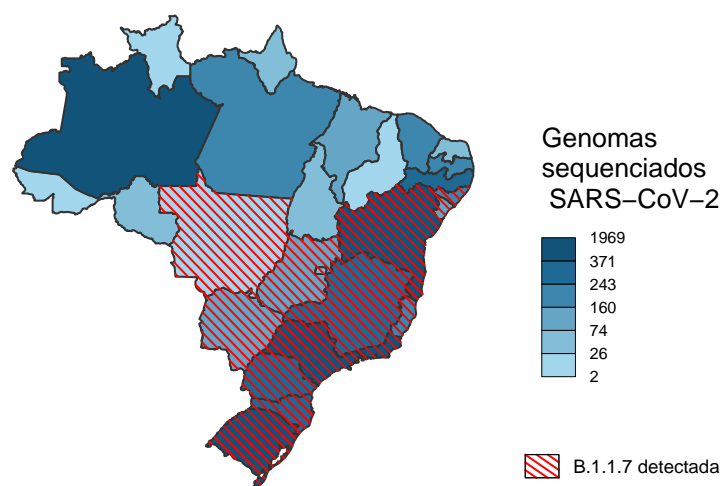


Figura 5: Distribuição da linhagem B.1.1.7 nas UF brasileiras incluindo o DF (Fonte: Genomahcov - Fiocruz [5], [6], [7] e GISAID)

A VOC 202012/01 - também conhecida como 20I/501Y.V1, linhagem B.1.1.7, variante Kent ou variante do Reino Unido (UK) já foi identificada em 130 países [4,8].

No Brasil, a B.1.1.7 foi identificada em dezembro de 2020 e já foi detectada em 14 UF brasileiras: Alagoas, Sergipe, Bahia, Minas Gerais, Espírito Santo, Rio de Janeiro, São Paulo, Paraná, Santa Catarina, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Goiás, Distrito Federal e Rio Grande do Sul (Figura 5).

4.1.2 Transmissibilidade

Infecções por B.1.1.7 estão associadas ao aumento da carga viral [9] e sua infectividade incrementada em comparação com outras não-VOCs, com estimativa de aumento de 1,35 vezes (95% IC 1,02-1,69) no número básico de reprodução (R_0) [10–12].

Modelagens epidemiológicas estimaram que a B.1.1.7 tem um R_0 cerca de 43% a 90% maior [13,14] do que as variantes preexistentes, corroborado pelo aumento de 52% a 69% na sua taxa de transmissibilidade [15]. Ao analisar amostras de pessoas com Covid-19 no Canadá, aproximadamente 25,5% eram VOCs, dentre as quais 93% pertenciam à linhagem B.1.1.7 [16]. Dados de rastreamento de contato foram usados para estimar a transmissibilidade relativa da B.1.1.7 e foi observado um aumento na taxa de ataque secundário de 60% (IC de 95% 20% - 114%) em comparação com outras variantes [14]. Uma pesquisa demonstrou que a B.1.1.7 apresenta vantagem replicativa duplicada em relação à 20A.EU1, variante predominante em circulação no UK no ano de 2020 [17]. A linhagem P.1 não superou a B.1.1.7 na Itália após mais de um mês de cocirculação sob as medidas de mitigação existentes [18]. Pacientes infectados com a B.1.1.7 têm maior probabilidade de apresentar cargas virais elevadas, o que pode relacionar-se à maior transmissibilidade e rapidez de disseminação promovidos por esta VOC [9,19,20]. Apesar disso, outros estudos indicam não haver aumento na taxa de replicação da B.1.1.7 nas células epiteliais das vias aéreas humanas [21]. A B.1.1.7 pode ser detectada por RT-PCR pela falha de amplificação do gene S, mantendo a detecção para os alvos dos genes RF1ab e N [22]. Em 12 de março, quase 85% das infecções na França estavam relacionadas à B.1.1.7, sendo a taxa de transmissão

cerca de 38% a 44% maior do que a observada para as cepas do tipo selvagem [23]. A variante B.1.1.7 se replica de forma mais eficiente, o que sugere maior rapidez na dispersão em vários países [24]. Além disso, esta é capaz de se fixar com maior eficiência à cavidade por períodos de exposição ao hospedeiro menores do que os observados para as linhagens anteriores. [25].

O domínio do receptor de ligação (RBD) da proteína S é a região do SARS-CoV-2 que interage com as células do hospedeiro, por meio da ligação com o receptor ECA2, permitindo a entrada do vírus nas células humanas. O RBD da B.1.1.7 apresenta a mutação N501Y, que confere maior afinidade ao receptor ECA2 [26], indicando que esta é uma mutação crítica e que, possivelmente, promove o aumento da transmissibilidade do SARS-CoV-2 [27–29]. Também foi avaliado o efeito de mutações individuais da proteína S na capacidade de ligação ao receptor ECA2. Demonstrou-se por meio de pseudovírus que a mutação D614G promove um incremento de aproximadamente 3,5 vezes na atividade de entrada celular em comparação ao vírus original. Salienta-se a necessidade da condução de ensaios experimentais adicionais com o vírus ancestral e as VOCs em suas formas íntegras, não somente pseudovírus, para corroborar os resultados [30–32]. Um estudo de dinâmica molecular observou que a mutação D614G favorece uma ligação molecular do tipo ponte salina, que auxilia na flexibilidade em torno da proteína de fusão viral. As mutações A570D e N501Y também favorecem a interação entre o RBD de B.1.1.7 e a interface ECA2 das células hospedeiras [33]. A interação entre o RBD da B.1.1.7 com o receptor ECA2 é mais forte, estável e seletiva do que as observadas para outras variantes do SARS-CoV-2 e para outros betacoronavírus. Assim, apresentam-se evidências sobre a existência de uma rota de evolução funcional molecular que ocorre na interface da interação entre o RBD e o receptor ECA2. Nesta, o vírus, antes de infectar humanos e configurar um problema zoonótico, deve apresentar um estado de “pré-adaptação”, no qual ele seja capaz de se ligar as proteínas humanas de maneira não seletiva. Uma vez que atinjam as células humanas, esses vírus provenientes de animais evoluem no sentido

de adquirir adaptações importantes, como a maior estabilidade de interação dos RBD em relação aos alvos proteicos humanos a exemplo do receptor ECA2. Assim, o surgimento de novas variantes de SARS-CoV-2, como a B.1.1.7, indica a evolução funcional de interações mais estáveis do RBD viral com os alvos proteicos humanos [34]. As mutações na proteína S presentes na B.1.1.7 apresentam um balanço entre estabilizar e desestabilizar a proteína, influenciando na ligação ao receptor ECA2 e na reatividade aos anticorpos [35]. *Mutações no nucleocapsídeo também estão relacionadas com aumento na transmissibilidade* [36].

Outra mutação de atenção na proteína S da B.1.1.7 é a L18F, que pode conferir uma vantagem replicativa de em média 1,7 vezes (IC 95%: 1,56-1,96) maior do que a observada em outras VOCs [37].

Animais domésticos (cães e gatos) também podem ser infectados pela B.1.1.7 e, com isso, desempenhar um papel importante na dinâmica de transmissão do SARS-CoV-2 [38,39]. Um estudo analisou genomas de SARS-CoV-2 que possuem disrupturas no gene ORF8. Acredita-se que as variantes com essa característica ocasionam um período de infecção mais prolongado, influenciando indiretamente no aumento da transmissibilidade. Foi sugerido que, além das mutações da proteína S, deve-se considerar a coocorrência de mutações da ORF8 ao avaliar potenciais variantes de interesse [40].

4.1.3 Severidade e manifestações clínicas

Pacientes infectados com a B.1.1.7 reportam menos perda/ausência de senso gustativo/olfativo e mais tosse quando comparados aos sintomas de pacientes infectados por outras linhagens [41]. Dados hospitalares da primeira e segunda ondas da pandemia no interior de Londres indicam que o número de admissão de casos com hipóxia foi maior nos indivíduos infectados com a B.1.1.7, suportando a evidência de que esta variante está associada a sintomas mais severos da Covid-19 [42]. Entretanto, um

estudo observacional conduzido no Reino Unido não encontrou evidência de manifestação clínica mais severa em crianças e jovens após a comparação de dados da primeira e segunda ondas de Covid-19 no país, sendo que nesta a linhagem circulante predominante era a B.1.1.7. Entretanto, em um estudo que comparou esses dados referentes à região de Londres, foi observado que o número de crianças e jovens internados na segunda onda triplicou em relação à primeira onda. Também se observou que o número total de internações cresceu na mesma proporção, indicando que esse aumento seja decorrente da prevalência dessa VOC [43]. Em Nice, sudoeste da França, estima-se que a B.1.1.7 afete pacientes mais jovens e saudáveis [44].

Outros estudos também sugerem a existência de alta probabilidade do aumento de risco de óbito e da necessidade de internação hospitalar quando o indivíduo é infectado com a B.1.1.7 [45–47]. A disseminação da B.1.1.7 impactou significativamente as taxas de mortalidade durante a segunda onda da pandemia de Covid-19 na Europa [48]. A taxa de risco de mortalidade associada à infecção pela B.1.1.7 é de 1,64, o que representa um aumento de 2,5 para 4,1 mortes para cada 1.000 casos detectados [49]. Além disso, a B.1.1.7 apresenta taxa de mortalidade mais elevada que outras variantes, sobretudo em homens com idade acima dos 85 anos e que possuam duas ou mais comorbidades (24,3% para B.1.1.7 contra 16,7% em não B.1.1.7) [50]. *Foi constatado em uma unidade médica na República Tcheca, que pacientes infectados pela B.1.1.7 hospitalizados em unidade de cuidado intensivo apresentaram média de idade estimada em 58 anos (n=41), em contraste com os 64 anos apresentados, em média, pelos infectados por variante ancestral (n=43). Não foi observada diferença entre a taxa de mortalidade da B.1.1.7 e da linhagem ancestral* [51].

4.1.4 Imunidade, reinfecção e vacinação

Com base na avaliação do potencial neutralizante do soro de 48 indivíduos vacinados com 1 ou 2 doses da BNT162b2 (Pfizer) ou da mRNA-2173 (Moderna) contra pseudovírus preparados para mimetizar as principais mutações das VOCs do SARS-CoV-2, demonstrou-se que a neutralização contra a B.1.1.7 permanece com perfil similar (decréscimo de 2,3 vezes) ao observado contra o vírus original. As vacinas de mRNA da Pfizer-BioNTech (BNT162b2) e da Moderna (mRNA-1273) induzem uma intensa resposta imune celular de células T CD4+, que conferem proteção contra sintomas severos da Covid-19 mesmo quando anticorpos neutralizantes já não são mais efetivos [52]. Em um ensaio de 50% de redução do foco (FRNT50) - que avalia qual a concentração de anticorpos neutralizantes requerida para inativar um vírus - foi demonstrado que a vacina BNT162b2 é capaz de estimular a produção de anticorpos no hospedeiro, apresentando potência de neutralização reduzida em 2,6 vezes contra a B.1.1.7 em comparação à sublinhagem americana WA1. O mesmo estudo também indicou uma correlação negativa entre idade e concentração de anticorpos neutralizantes contra a B.1.1.7 em vacinados. Além disso, a análise com soro de convalescentes mostrou ausência de declínio da potência de neutralização de anticorpos em períodos de até 300 dias após a infecção por SARS-CoV-2 [53]. Resultados similares foram obtidos a partir da avaliação de soro de 24 vacinados com a BNT162b2 em experimentos envolvendo isolados reais da B.1.1.7 [54]. Embora essa VOC seja mais contagiosa, foi verificado em soros de indivíduos imunizados com a vacina Pfizer-BioNTech o bloqueio eficiente da ligação de RDB viral ao receptor ECA2 [55]. *Um estudo demonstrou que a B.1.1.7 não escapa da imunidade de anticorpos produzidos após vacinação com a BNT162b2 ou pela infecção por outras linhagens de SARS-CoV-2 que estavam circulando anteriormente* [21,56]. Além disso, foi confirmado que as vacinas da Moderna, Pfizer-BioNTech e Oxford-AstraZeneca são eficazes contra a variante B.1.1.7 [57]. Outro estudo demonstrou que a segunda dose da vacina da Pfizer promove um aumento das frequências

de células T e consequente imunização contra as variantes B.1.1.7 [58]., enquanto a neutralização da linhagem ancestral da B.1.1.7 começa cerca de uma semana após a aplicação da primeira dose [59]. Consolidando-se os achados, sugere-se que a imunidade induzida pela infecção ou pela vacinação é mantida contra a B.1.1.7 [60]. Indivíduos vacinados com a BNT162b2 da Pfizer/BioNTech que já haviam sido infectados pela variante de SARS-CoV-2 de Wuhan apresentaram melhor resposta contra as variantes B.1.1.7 do que indivíduos sem histórico de infecção por SARS-CoV-2 que receberam a vacina [61].

Na Itália, a eficácia da vacina BNT162b2 foi avaliada em uma coorte de 6.000 profissionais de saúde, durante o período em que a variante B.1.1.7 era predominante no país. A campanha vacinal foi eficiente entre os vacinados e contribuiu para a redução na taxa de infecções por SARS-CoV-2 entre os profissionais de saúde não vacinados [62]. No Catar observou-se que a vacina BNT162b2 foi eficaz contra as formas mais graves de infecções, ainda que as variantes B.1.1.7 e B.1.351 sejam predominantes no país [63].

A vacina ChAdOx1 nCoV-19 da AstraZeneca apresentou atividade de neutralização reduzida contra a variante B.1.1.7 (70.4% com 95% de intervalo de confiança entre 43.6-84.5%) em relação a outras linhagens em estudos in vitro (81.5% com IC 95% entre 67.9-89.4%). No entanto, essa vacina mostrou eficácia contra a B.1.1.7 em uma coorte de 8.534 participantes [64]. A vacina Sputnik-V possui eficácia contra a B.1.1.7, mas não foi capaz de neutralizar a VOC B.1.351 da África do Sul [65]. Com o intuito de avaliar o impacto das mutações na proteína S sobre a capacidade neutralizante de anticorpos, uma análise in vitro demonstrou que a potência de neutralização do soro de 19 pacientes convalescentes de SARS-CoV-2 não se altera diante da B.1.1.7 [54]. Embora a atividade neutralizante do soro de vacinados com as duas doses de CoronaVac seja reduzida por um fator de 0,5 (IC: 0,3 – 0,7) contra o pseudovírus que mimetiza o perfil mutacional da proteína S da B.1.1.7, um estudo indica a manutenção

de padrão do perfil de neutralização contra o vírus original de Wuhan [66]. *Por meio da análise do soro de 93 profissionais da saúde saudáveis coletado antes e depois de cada uma das duas doses da vacina CoronaVac, buscou-se avaliar a atividade dessa estratégia vacinal em relação às novas variantes circulantes D614G, B.1.1.7, B.1.351, P.1, B.1.429 e B.1.526. Todos os soros pré-vacinais apresentaram níveis indetectáveis de neutralização em relação a todas as variantes investigadas. Os soros pós-vacinais foram igualmente efetivos (82%) contra as variantes D614G, B.1.1.7, B.1.429 e o vírus ancestral [67].*

A eficácia de diferentes estratégias vacinais para o controle da pandemia de Covid-19 foi comparada no contexto das novas variantes que possuem taxas de contágio, virulência e sem resistência específica a vacinas similares ao perfil exibido pela B.1.1.7. Para tanto, foi desenvolvido um modelo matemático para simular diferentes cenários da evolução da pandemia na França entre os anos de 2021 e 2022. Os resultados dessa modelagem indicam uma redução de 7 vezes no número de óbitos em um cenário onde a campanha de vacinação dure 6 meses, indicando que estratégias de vacinação em tempo hábil são essenciais para o enfretamento e combate à Covid-19 [68]. *Soro de convalescentes que durante a primeira onda de Covid-19 no UK apresentaram um quadro mais grave da doença neutralizam a B.1.1.7 de maneira mais eficaz do que o de indivíduos que tiveram sintomas leves [69].*

4.2 Variante 501Y.V2, linhagem B.1.351

4.2.1 Identificação, distribuição e características

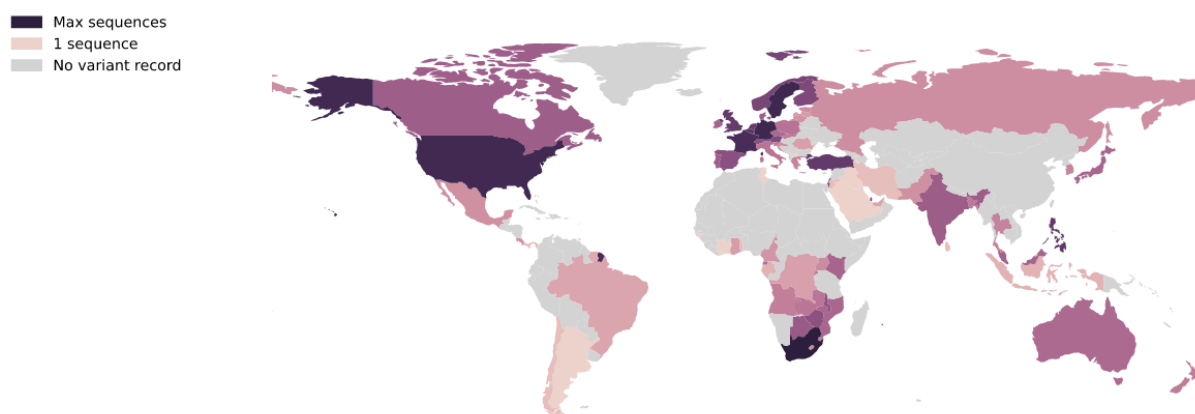


Figura 6: Distribuição mundial da linhagem B.1.351 (Fonte: [4]).

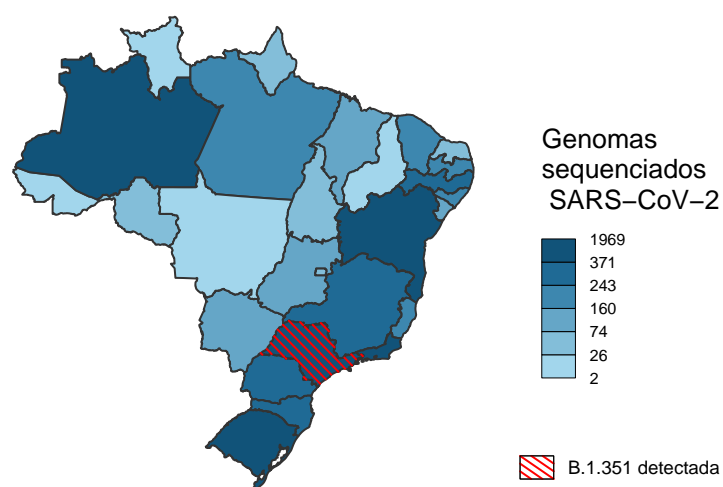


Figura 7: Distribuição da linhagem B.1.351 nas UF brasileiras incluindo o DF (Fonte: Genomahcov - Fiocruz [5] e GISAID)

A VOC 20H/501Y.V2, também conhecida como linhagem B.1.351 ou variante da África do Sul[8,70] já foi identificada em 88 países e no Brasil apenas em 1 Estado: São Paulo (Figura 7).

4.2.2 Transmissibilidade

Um estudo identificou que a afinidade do RBD da B.1.351 à ECA2 é 4,62 vezes maior do que a estimada para o RBD de SARS-CoV-2 originário de Wuhan, sugerindo que a variante apresenta maior transmissibilidade. O mesmo estudo também sugere que as mutações relacionadas à maior afinidade sejam uma característica evolutiva convergente das variantes mais transmissíveis, visto que algumas também foram observadas na linhagem B.1.1.7 [26]. A linhagem B.1.351, ao contrário do observado com as linhagens ancestrais, é capaz de infectar e de se replicar em células de camundongos que expressam a ECA2. Ao conduzir experimentos in vivo, verificou-se que a B.1.351 é capaz de se replicar no interior de células do trato respiratório de camundongos. Apesar das altas cargas virais encontradas em pulmões de camundongos infectados, não foram conduzidos experimentos adicionais para avaliar as alterações patológicas e a transmissão entre hospedeiros ou para acompanhar a comorbidade no ciclo de vida dos animais [71]. Foi demonstrado que as mutações N501Y, E484K e K417N aumentam a capacidade de propagação de SARS-CoV-2 por meio de duas estratégias: (i) ligação efetiva à ECA2 por meio de uma sinalização alostérica entre os elementos estruturais do RBD e (ii) redução da ligação de anticorpos produzidos por pacientes infectados/vacinados [72].

Diante das estimativas iniciais para evasão imunológica e transmissibilidade da variante, sugere-se que seja improvável a ampla disseminação da variante B.1.351 nos Estados Unidos [73].

4.2.3 Imunidade, reinfecção e vacinação

Um estudo observou que o soro convalescente de profissionais da saúde infectados pela B.1.351 continham, inicialmente, pelo menos um anticorpo neutralizante e uma certa atividade de proteção humoral. No entanto, em uma proporção significativa desses profissionais de saúde que apresentaram sintomas leves da Covid-19, não foi identificada atividade neutralizante no soro contra a B.1.351 após o

período de 6 meses da infecção [74]. Apesar disso, outra análise sugere que os anticorpos desenvolvidos pós-infecção com a variante B.1.351 são capazes de neutralizar a variante que circulava anteriormente e apresentar reatividade cruzada com outras VOCs, como a P.1. Esse fato indica que, possivelmente, as vacinas baseadas na proteína S da B.1.351 podem ser promissoras [75].

Ao comparar a potência de 17 interferons humanos diferentes contra 5 linhagens virais foi possível observar aumento da resistência aos interferons em variantes emergentes do SARS-CoV-2, como a B.1.351. Os resultados indicam que o escape da imunidade inata é uma força motriz significativa para a evolução do SARS-CoV-2 [76]. Com relação à neutralização por anticorpos foi demonstrada uma redução de 5 a 10 vezes contra a B.1.351 comparando com a linhagem anteriormente circulante com a mutação D614G. Pacientes que relataram sintomas mais severos demonstraram maior poder de neutralização em comparação aqueles com sintomas leves ou moderados de Covid-19 [59]. Experimentos demonstraram que os anticorpos produzidos por pacientes com infecção aguda (5 a 19 dias do início dos sintomas) conseguem interagir com o RBD da B.1.351, porém, com capacidade de neutralização viral reduzida. A análise de uma coorte longitudinal de 30 indivíduos convalescentes apontou para a redução dos títulos de anticorpos nos 8 meses após a infecção e uma diminuição modesta de suas capacidades neutralizantes (2,1 vezes) contra a B.1.351 [60]. Uma avaliação *in vitro* demonstrou que a potência de neutralização dos soros de 19 pacientes convalescentes sofreu uma redução de 4,6 vezes diante do pseudovírus apresentando as mutações no gene da proteína S similares a linhagem B.1.351. As mutações E484K e N501Y reduzem a capacidade de neutralização de 3,6 vezes em relação ao vírus original. O conjunto K471N/E484K/N501Y acarretam uma diminuição de 3,5 vezes na capacidade neutralizante de anticorpos de pacientes convalescentes [54]. Ao comparar o plasma de convalescentes infectados por B.1.351 e B.1 demonstrou-se um comprometimento de aproximadamente 8,4 a 15,1 vezes da capacidade de neutralização contra B.1.351. Uma revisão sistemática de 56 estudos, totalizando

2.483 indivíduos entre convalescentes e vacinados, estimou uma redução de neutralização do soro de pós-infectados de 8,7 vezes (95% IC: 6,5-11,7) contra a B.1.351 [77]. Por outro lado, a resposta humoral provocada pela infecção por B.1.351 foi capaz de neutralizar outras linhagens de SARS-CoV-2 [78]. Um estudo demonstrou que com relação aos anticorpos usados para o tratamento da doença, a variante B.1.351 é parcialmente (Casirivimab) ou totalmente (Bamlanivimab) resistente [79].

As respostas das células T CD8+ de indivíduos convalescentes com Covid-19 reconhecem, aparentemente, as VOCs e outras linhagens recém identificadas, como a B.1.351 [80,81]. As estratégias de imunização voltadas para as células B podem ser menos eficazes para a variante B.1.351 do que as estratégias voltadas para as células T [82]. As vacinas de mRNA da Pfizer-BioNTech (BNT162b2) e da Moderna (mRNA-1273) induzem uma intensa resposta das células T ao SARS-CoV-2 [52,58], sendo eficazes contra as variantes B.1.1.7 e B.1.351. É sugerido inclusive que pessoas convalescentes podem não precisar da segunda dose vacinal [83]. Entretanto, outro estudo aponta que a B.1.351 é mais resistente à neutralização por soro convalescente (cerca de 9,4 vezes) e ao soro de vacinados (10,3 a 12,4 vezes) com a mRNA-1273 (Moderna) ou BNT162b2 (Pfizer). Nesta avaliação, sugere-se que a B.1.351 e outras linhagens emergentes com mutações similares na proteína S podem vir a representar um desafio para a eficácia de algumas vacinas atualmente disponíveis no mercado [84,85]. A resposta imune humoral consequente das vacinações com BNT162b2 (Pfizer/BioNtech) ou mRNA-1273 (Moderna) foi avaliada em relação a pseudovírus com perfil mutacional de 10 diferentes variantes de SARS-CoV-2 em circulação global. Cinco pseudovírus contendo as mutações K417N/T, E484K e N501Y no RBD da proteína S mostraram resistência à neutralização vacinal. Os resultados sugerem que um número pequeno de mutações pode mediar um escape potente às vacinas [86].

Em adultos vacinados com 2 doses da mRNA-1273 (Moderna) (n=19) foi observada redução significativa na concentração de IgG ligantes contra o RBD da B.1.351 em comparação ao RBD da variante B.1.

Além disso, houve uma redução de 3,8 vezes na capacidade neutralizante dos anticorpos induzidos pela vacina da Moderna contra a B.1.351. Apesar disso, todos os indivíduos analisados retiveram a capacidade neutralizante contra esta VOC [60]. Em outros estudos que utilizaram o soro de vacinados com a BNT162b2 (Pfizer) foi observada uma redução de 8,8 a 10 vezes na capacidade de neutralização do vírus análogo à linhagem B.1.351 em comparação à linhagem anteriormente circulante (WA 1/2020 D614G) [53,54]. Uma análise do perfil da resposta humoral utilizando soro de 19 franceses vacinados com a vacina da Pfizer demonstrou que a imunização contra a B.1.351 ocorre somente 1 semana após a aplicação da segunda dose, enquanto a neutralização da linhagem ancestral começa a ocorrer uma semana após a aplicação da primeira dose [87]. A eficácia da vacina BNT162b2 (Pfizer-BioNTech) foi avaliada para as variantes B.1.1.7 e B.1.351 por meio de estudos de caso-controle com indivíduos infectados após a primeira ou 2 doses do imunizante. Os resultados sugerem que, de fato, a eficácia vacinal referente à infecção pelas novas variantes é menor, mas uma combinação da vacinação em massa com as duas doses (completa) aliada às intervenções não-farmacêuticas podem controlar e impedir o avanço da Covid-19 [88]. A vacina BNT162b2A apresenta uma eficácia de 95% no que tange ao desfecho referente à infecção. A vacinação produz respostas imunes diferentes da infecção em relação à dominância de anticorpos IgG sobre IgM e IgA, sendo que os IgGs em vacinados atingem níveis bastante similares aos observados em indivíduos severamente comprometidos pela COVID-19. Além disso, observou-se uma redução de reconhecimento por parte anticorpos em relação às variantes seguindo a sequência B.1.1.7, P.1 e B.1.351, sendo esta última a que apresenta menor reconhecimento por parte do sistema imune [89]. Diversos indivíduos convalescentes previamente infectados pelo SARS-CoV-2 ancestral não produzem resposta imunológica contra a variante B.1.351. Apesar disso, a avaliação de uma pequena coorte com 6 mulheres anteriormente infectadas pelo SARS-CoV-2 ancestral (sublinhagem B.1) demonstrou que uma dose da vacina BNT162b2 é capaz de estimular o aumento dos

títulos de neutralização em até 228 vezes. Embora o estudo apresente limitação (número e gênero dos indivíduos), os resultados são promissores visto que os 6 participantes apresentaram resposta semelhante [90]. A vacina BNT162b2 foi eficaz contra as formas mais graves de infecções, apesar das variantes B.1.1.7 e B.1.351 serem predominantes no país [63].

A vacina Sputnik-V possui eficácia contra a VOC B.1.1.7 mas não é capaz de neutralizar a VOC B.1.351 da África do Sul [65]. O regime de duas doses da vacina da ChAdOx1 nCoV-19 (AstraZeneca) não demonstrou proteção contra casos leves e moderados de Covid-19 em pessoas infectadas pela B.1.351 [91]. Resultados sugerem que a atividade neutralizante dos soros de vacinados com as duas doses de CoronaVac (n=25) é reduzida por um fator de 0,3 (IC: 0,2 – 0,4) contra a B.1.351, ao comparar-se com a potência de neutralização observada contra o vírus de Wuhan [66]. Uma revisão sistemática de 56 estudos, totalizando 2.483 indivíduos entre convalescentes e vacinados, avaliou a extensão da resposta induzida por anticorpos neutralizantes contra as VOCs em circulação. Em relação à neutralização induzida pelo soro de vacinados, foi observada redução de 240,2 vezes (95% IC: 124,0-465,6) na capacidade neutralizante de vacinas baseadas na plataforma de vetores não-replicantes, 4,6 vezes (95% IC: 4,0-5,2) em plataformas mRNA e 1,6 vezes (95% IC: 1,2-2,1) para plataformas baseadas em subunidades proteicas do vírus [77]

Recentemente foram apresentados os resultados preliminares do teste de uma vacina de mRNA modificada para a variante B.1.351. Foi demonstrado que o uso do imunizante como reforço para pessoas previamente vacinadas aumenta a eficácia de neutralização do vírus original e das variantes B.1.351 e P1 [92]. Duas vacinas (ChAdOx1 nCoV-19 e NVX-CoV2373) foram avaliadas contra a variante B.1.351. Todavia, os dois estudos comparando a eficiência dos imunizantes apresentavam divergências metodológicas, o que dificultou a comparação entre os resultados obtidos. Desta forma, ChAdOx1 nCoV-19 não apresentou eficácia contra casos leves a moderados; casos severos não foram observados na

análise. NVX-CoV2373 apresentou eficácia de 49,4% contra casos sintomáticos. Ad26.COVS2.S apresentou eficácia significativa contra casos moderados a severos (64%) e maior eficácia contra casos severos e críticos (81,7%). A vacina BNT162b2 apresentou total proteção contra quaisquer casos de COVID-19 [93]. A imunização intranasal com a vacina ChAd-SARS-CoV-2-S parece conferir, em camundongos, proteção contra as variantes B.1.351 [94]. A eficácia da vacina NVX-CoV2373 foi avaliada em indivíduos soronegativos para SARS-CoV-2, com idade entre 18 e 84 anos. Contra casos leves a moderados de COVID-19 a eficácia da vacina foi de 49,4%, sendo que 92,8% dos indivíduos foram acometidos pela variante B.1.351. A eficácia contra a variante B.1.351 foi de 51% [95]. *Indivíduos não vacinados e que tiveram as formas leves de Covid-19 não demonstram, após 6 meses, atividade neutralizante contra essa VOC. Assim, reforça-se a recomendação de que indivíduos previamente infectados devem ser vacinados* [56]. *Soro de convalescentes que durante a primeira onda de Covid-19 no UK apresentaram um quadro mais grave da doença neutralizam a B.1.351 de maneira mais eficaz do que os indivíduos que tiveram sintomas leves* [69].

Em uma coorte de 121 profissionais da saúde vacinados pela BNT162b2 mRNA, 23 indivíduos se recuperaram de sintomas leves de COVID-19 e apresentaram resposta com níveis altos de anticorpos funcionais e células T específicos para SARS-CoV-2 após a primeira dose. No entanto, a segunda dose foi necessária para que os anticorpos funcionais e a resposta imune celular atingissem níveis mais elevados. Os anticorpos induzidos pela vacinação resultaram em neutralização cruzada para ambas as VOCs investigadas no estudo, B.1.1.7 e B.1.351. Apesar disso, a capacidade neutralizadora contra B.1.351 foi consistentemente de 2 a 4 vezes menor do que a observada para o vírus homólogo. Ressalta-se que o estudo não constatou diferenças na ativação das células T CD4+ em resposta aos antígenos destas, indicando que as proteínas S das variantes B.1.1.7 e B.1.351 não escapam a imunidade mediada por essas células desencadeada pela proteína S ancestral. Assim, esse trabalho demonstra que algumas variantes

parcialmente escapam a imunidade humoral induzida por SARS-CoV-2, mas a ativação de células T CD4+ S-específicas não é afetada pelas mutações presentes em nenhuma dessas duas variantes [96].

Por meio da análise do soro de 93 profissionais da saúde saudáveis coletado antes e depois de cada uma das duas doses da vacina CoronaVac, buscou-se avaliar a atividade dessa estratégia vacinal em relação às novas variantes circulantes. Todos os soros pré-vacinais apresentaram níveis indetectáveis de neutralização em relação a todas as variantes investigadas. Observou-se significativa redução da eficiência de neutralização para as variantes B.1.526 (4,03x), P.1 (3,92x) e B.1.351 (5,27x). Além disso, apenas uma pequena parcela dos indivíduos vacinados apresentaram soro pós-vacinal capaz de neutralizar as variantes B.1.526 (26%), P.1 (34%) e B.1.351 (5%). O soro pós-vacinal apresentou uma redução consistente de IgG específico para RBD contendo a mutação E484K, o que revela uma potencial justificativa para o escape da imunização pelas VOCs [67].

4.3 Variante P.1, linhagem B.1.1.28.1

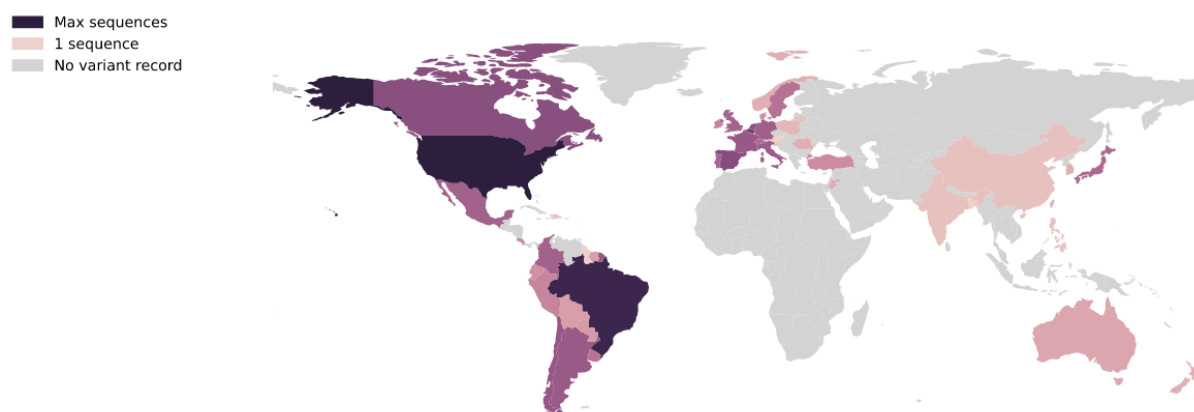


Figura 8: Distribuição mundial da linhagem B.1.1.28.1 (P.1) (Fonte: [4]).

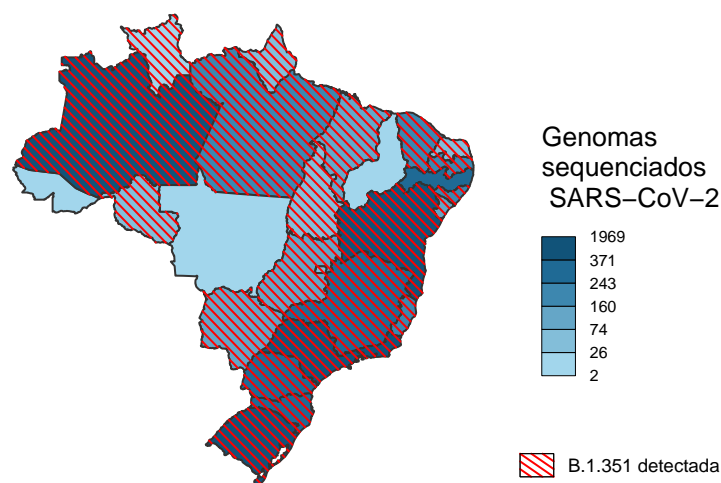


Figura 9: Distribuição da linhagem P.1 nas UF brasileiras incluindo o DF (Fonte: Genomahcov - Fiocruz [5] e GISAID)

Em janeiro de 2021, as autoridades sanitárias do Japão notificaram o Brasil de que encontraram uma nova variante do SARS-CoV-2 em 4 japoneses que haviam retornado de Manaus, Amazonas [97,98]. Na mesma data, a nova variante, denominada de P.1, linhagem B.1.1.28.1, também conhecida como variante do Brasil ou de Manaus, foi identificada como circulante no estado do Amazonas desde outubro de 2020 [99].

A VOC P.1. está em circulação em 53 países [4]. Até o presente momento, a variante foi identificada circulando em 23 UF brasileiras: Rondônia, Amazonas, Roraima, Pará, Amapá, Tocantins, Maranhão, Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba, Alagoas, Sergipe, Bahia, Minas Gerais, Espírito Santo, Rio de Janeiro, São Paulo, Paraná, Santa Catarina, Mato Grosso do Sul, Goiás, Distrito Federal e Rio Grande do Sul.

4.3.1 Transmissibilidade

Resultados de simulações computacionais mostram que a mutação E484K presente na VOC P.1 reduz significativamente a afinidade de anticorpos neutralizantes ao RBD viral e aumenta a afinidade

à ECA2 nas células do hospedeiro. Estes resultados sugerem que a mutação E484K possui o potencial de conferir a VOC P.1 características de aumento de transmissibilidade e de diminuição da resposta de defesa imunológica do hospedeiro [100]. Utilizando pseudovírus expressando o conjunto de mutações E484K, K417N, e N501Y para assemelhar-se ao RBD da VOC P.1, foi possível demonstrar que a afinidade do RBD mutante com ECA2 é 2 vezes maior em comparação com o vírus original. O estudo também sugere neutralização reduzida por anticorpos contidos no soro de camundongos imunizados com o RBD viral original de Wuhan e em pacientes convalescentes [101]. A VOC P.1, ao contrário do observado com as linhagens ancestrais, é capaz de infectar e de se replicar em células de camundongos que expressam o receptor ECA2. Apesar das altas cargas virais no pulmão dos camundongos infectados com a VOC P.1, experimentos adicionais para avaliar as alterações patológicas, se há transmissão entre hospedeiros ou se há acompanhamento da comorbidade no ciclo de vida dos animais não foram conduzidos [71].

O domínio terminal N (NTD) da proteína S não está diretamente relacionado com a interação com a ECA2 das células do hospedeiro assim como o RBD. Entretanto, sugere-se que o NTD seja alvo de alguns anticorpos neutralizantes, impactando as características das variantes que apresentam mutações nesta região. Inserções ou deleções (indels) são observadas nas variantes B.1.1.7 (Δ 69-70 e Δ 144) e B.1.351 (Δ 242-244), enquanto a VOC P.1 apresenta 6 substituições e nenhuma indel. Entretanto, um estudo recente reportou a presença das deleções Δ 144, Δ 189-190, Δ 141-144 no NTD em variantes da linhagem P.1. Por meio de simulações computacionais, verificou-se que as deleções no NTD impactam a conformação da proteína S perturbando a ligação de anticorpos neutralizantes nessa região. Os dados sugerem que essas deleções no NTD podem representar um possível mecanismo de evolução das variantes em circulação no Brasil, como a P.1 e a P.2, para escaparem de anticorpos neutralizantes [102]. *As mutações nas proteínas S e do nucleocapsídeo estão associadas à alta transmissibilidade de P1*

[36].

Um estudo evidenciou que a P.1 não foi capaz de superar a predominância da circulação da B.1.1.7 na Itália, mesmo após um mês de sua introdução no país. Assim, supõe-se que P.1 tenha uma taxa de transmissibilidade menor que B.1.1.7, independentemente de sua capacidade de reinfectar indivíduos previamente infectados por linhagens anteriores [18].

4.3.2 Severidade e manifestações clínicas

Uma análise preliminar com dados de saúde do estado do Paraná indica que as taxas de mortalidade triplicaram em jovens com idade entre 20 e 29 anos e dobraram em adultos na faixa etária de 30 a 59 anos após o surgimento e disseminação da variante P.1 no Brasil [103].

No estado do Rio Grande do Sul foi demonstrado um aumento na proporção de jovens e pessoas sem doenças prévias entre os casos graves e óbitos de Covid-19 após a identificação da transmissão local da variante P.1. Dessa forma, sugere-se que essa variante apresente mudanças relacionadas à patogenicidade e virulência [104].

No Brasil, a taxa de letalidade entre pacientes obstétricas aumentou nos três primeiros meses de 2021 em comparação com 2020 (15,6% vs 7,4%). Sugere-se que a diferença observada pode estar relacionada à circulação de variantes genéticas mais agressivas no país, tal como a P.1 que foi identificada no início de 2021 [105].

4.3.3 Imunidade, infecção e vacinação

Análises estruturais e funcionais têm demonstrado que as mutações E484K e K417, presentes nas linhagens B.1.1.28.1 e B.1.351, apresentam o potencial de afetar as principais classes de anticorpos neutralizantes para SARS-CoV-2 [35,106].

As linhagens B.1.1.28.1 e B.1.351 apresentam menor potencial de neutralização por soro de indivíduos convalescentes ou vacinados com a BNT162b2 (Pfizer) [107,108]. A análise do potencial neutralizante do soro de 48 indivíduos vacinados com uma ou duas doses da BNT162b2 (Pfizer) ou da mRNA-2173 (Moderna) contra pseudovírus preparados para assemelhar-se as principais VOCs de SARS-CoV-2 demonstrou que a capacidade de neutralização contra a VOC P.1 é reduzida em torno de 15,1 vezes, em relação ao observado para o vírus original [109]. Os plasmas de indivíduos vacinados com a CoronaVac (n=08) não foram capazes de neutralizar a VOC P.1, visto que o ensaio de neutralização foi abaixo do limite detectável. Todavia, os resultados não apresentam suporte estatístico devido ao pequeno tamanho amostral. Cabe destacar que os anticorpos neutralizantes não são os únicos fatores que contribuem para a resposta imunológica da CoronaVac, visto que existe também um importante papel dos componentes que fazem parte da resposta celular [110].

A análise de plasma convalescente de 19 pessoas infectadas pelo SARS-CoV-2, entre maio e agosto de 2020, demonstrou que a capacidade de neutralizar a VOC P.1 é reduzida em, aproximadamente, 6 vezes em comparação a linhagem B (linhagem circulante predominante à época na cidade de Manaus). Assim, os dados sugerem que a VOC P.1 é capaz de evadir anticorpos de pessoas que foram infectadas por outras linhagens do SARS-CoV-2, abrindo a possibilidade de ocorrência de casos de reinfecção [79,110]. Relatos indicam que a P.1, não é apenas refratária a múltiplos anticorpos monoclonais neutralizantes, mas também mais resistente à neutralização por plasma convalescente (6,5 vezes) e soro de vacinados (2,2-2,8 vezes). Esse dado indica que a VOC P.1 ameaça as terapias atuais com anticorpos, mas não a eficácia protetora das vacinas disponíveis [100]. A análise do plasma de 34 pacientes convalescentes pós-infecção com linhagem de SARS-CoV-2 similar à linhagem original de Wuhan, revelou que a potência de neutralização dos anticorpos naturalmente produzidos contra a P.1 é reduzida, em média, 3,1 vezes em relação ao vírus ancestral. Essa potência de neutralização é similar

em experimentos com a B.1.1.7 e consideravelmente menor do que a redução de 13,3 vezes observada para linhagem B.1.351 [111].

Com o intuito de avaliar o impacto das mutações na proteína S na capacidade de neutralização de anticorpos, um estudo in vitro estimou a redução de 2,5 vezes na potência de neutralização do soro de 19 pacientes convalescentes contra o pseudovírus com o gene da proteína S da VOC P.1 [54]. Além disso, em um estudo que utilizou o soro de vacinados (n=15) com a BNT162b2 (Pfizer) ficou demonstrada uma redução de 2,2 vezes na capacidade de neutralização do vírus análogo à VOC P.1 em comparação com a linhagem anteriormente circulante (WA 1/2020 D614G) [54]. Duas doses da vacina da Pfizer-BioNTech (BNT16b2) produzem anticorpos neutralizantes suficientes para inativar a VOC P.1, apesar da potência de neutralização ser reduzida em 2,6 vezes ao comparar com linhagem similar à isolada de Wuhan. Em relação à vacina fabricada por Oxford-AstraZeneca (ChAdOx1 nCov-19), observou-se diminuição de cerca de 2,9 vezes na potência de neutralização dos anticorpos contra a P.1, consideravelmente melhor do que a redução de 9 vezes observada contra a B.1.351. A neutralização da VOC P.1 pelos soros de vacinados foi menos impactada que a neutralização da B.1.351, sugerindo que as vacinas desenvolvidas a partir do SARS-CoV-2 original de Wuhan possivelmente são eficazes contra a VOC P.1 [111]. Com relação à proteção contra P.1, a vacina BNT16262 (Pfizer/BioNTech) apresenta bons resultados em indivíduos com histórico prévio à vacinação de infecção por SARS-CoV-2 [112]. Uma revisão sistemática de 56 estudos, totalizando 2.483 indivíduos entre convalescentes e vacinados, avaliou a extensão da resposta induzida por anticorpos neutralizantes contra as VOCs em circulação. Comparando com a linhagem B, foi estimada uma redução de neutralização do soro de convalescentes de 5,0 vezes (95% IC: 4,0-6,2) contra a P.1. Em relação à neutralização induzida pelo soro de vacinados, foi observada redução de 5,9 vezes (95% IC: 3,7-9,3) na capacidade neutralizante de vacinas baseadas na inativação viral e 1,5 vezes (95% IC: 3,7-9,3) em plataformas fundamentadas em mRNA [77]. A

variante P.1 apresenta resistência à neutralização por diversos anticorpos monoclonais, bem como resistência 6,5 vezes maior por plasma convalescente e de 2,2 a 2,8 vezes maior por soro vacinal. No entanto, a redução da eficácia da atividade neutralizadora do plasma convalescente e do soro vacinal contra essa variante não é tão alta quanto à observada contra a VOC B.1.351 [113].

Dados sugerem que a reinfecção por P.1 é comum e mais frequente [114]. *Soro de convalescentes que durante a primeira onda de Covid-19 no UK apresentaram um quadro mais grave da doença neutralizam a VOC P.1 de maneira mais eficaz do que os indivíduos que tiveram sintomas leves* [69].

4.4 Variantes da linhagem B.1.617

Detectada na Índia em dezembro de 2020, a linhagem B.1.617 ramifica-se em três diferentes linhagens – B.1.617.1, B.1.617.2 e B.1.617.3 - devido ao distinto perfil mutacional apresentado por cada linhagem individual. Em 11 de maio de 2021, a linhagem B.1.617 foi classificada como VOC pela OMS. Das linhagens individuais, a agência de saúde do Reino Unido (PHE) classificou somente a B.1.617.2 como VOC. Já o Centro de Prevenção e Controle de Doenças Europeu (ECDC) mantém a classificação de todas as linhagens individuais como VUIs [115].

A linhagem individual B.1.617.1 alcançou seu ápice no final de março de 2021 antes de começar seu declínio em abril de 2021 [115]. *Encontra-se circulante em 35 países* [4]. Até o presente momento, a B.1.617.1 não foi identificada circulando em UF brasileiras.

A linhagem individual B.1.617.2 se tornou a variante dominante no Índia em meados de abril de 2021. Após o aumento repentino dessa variante no Reino Unido e nos países vizinhos à Índia, a B.1.617.2 foi considerada uma VOC pelo governo britânico [116]. Essa linhagem possui em sua proteína S as mutações T19R, Δ 157-158, L452R, T478K, D614G, P681R e D950N, além de outras mutações que incluem: P314L na ORF1b; D63G, D377Y e R203M na proteína N; S26L na ORF3a; I82T na proteína M

e T120I na ORF7a [117]. A mutação L452R é associada ao aumento na transmissibilidade e redução no potencial de neutralização do soro de pacientes convalescentes, sendo também identificada na variante B.1.429 emergente na Califórnia e outras VUIs [29,118]. A B.1.617.2 encontra-se circulante em 58 países [4]. Até o presente momento, a B.1.617.2 foi identificada pela Secretaria de Estado da Saúde do Maranhão em tripulantes estrangeiros de um navio internacional ancorado na costa desta localidade. Recentemente a mesma variante foi identificada pelo Instituto Adolfo Lutz, da Secretaria de Estado da Saúde de São Paulo, em um morador de Campos dos Goytacazes, RJ, de 32 anos, que desembarcou no Aeroporto Internacional de Guarulhos, no dia 22 de maio, vindo da Índia. Ainda existem casos suspeitos de infecção pela B.1.617.2 sendo investigadas nos estados de MG, ES e DF.

A linhagem individual B.1.617.3 foi detectada em fevereiro de 2021 na Índia e, atualmente, permanece como uma variante de baixa frequência de circulação [115]. A B.1.617.3 encontra-se circulante em 4 países [4]. Até o presente momento, a B.1.617.3 não foi identificada circulando em território brasileiro.

4.4.1 Transmissibilidade

4.4.1.1 Linhagem individual B.1.617.2 O PHE estima que a B.1.617.2 é, ao menos, tão transmissível quanto a B.1.1.7, apesar da necessidade de mais análises para corroborar essa observação [115].

4.4.2 Severidade e manifestações clínicas

Embora o aumento na taxa de morbidade correlacione-se com o crescimento da prevalência da B.1.617 na Índia, o impacto na severidade da Covid-19 ainda precisa de avaliação por estudos científicos. A alta nas taxas de morte pode ser devido à ampliação da transmissibilidade combinada com a insuficiência dos serviços de saúde para satisfazer a demanda [115].

4.4.3 Imunidade, infecção e vacinação

4.4.3.1 Linhagem individual B.1.617.1 Os soros de vacinados com a BBV152 (n=28), vacina baseada em vírus inativado desenvolvida por Bharat Biotech, neutralizam B.1.617.1 in vitro. Adicionalmente, soros de convalescentes (n=17; infectados com B.1.1.7 (n=2), B.1.351 (n=2), B.1.1.28.2 (n=2) e B1 (n=11)) demonstram títulos de neutralização equivalentes contra a B.1.617.1 ao comparar com os resultados da neutralização por soros de vacinados com a BBV152 [119]. Além disso, os plasmas derivados de pacientes convalescentes (n=5) neutralizam as partículas de pseudovírus expressando a proteína S do isolado de Wuhan, B.1.617.1 ou B.1.351 in vitro. Observou-se uma redução de 2 vezes na capacidade neutralizante contra a B.1.617.1 e 6 vezes contra B.1.351, em relação ao vírus de Wuhan. E [120]. Um estudo, utilizando o vírus, mostrou que apesar da redução na potência de neutralização contra a B.1.617.1 ser de até 6,8 vezes, a grande maioria dos soros de pacientes convalescentes (n=24) e de vacinados com as vacinas da Pfizer (n=10) e da Moderna (n=15) neutralizam essa variante [121].

4.4.3.2 Linhagem individual B.1.617.2 Um recente estudo do Public Health England (PHE), publicado no formato pré-print nesta semana observou que as vacinas da Pfizer/BioNTech e da Oxford/AstraZeneca tiveram uma efetividade de 88% e 60%, respectivamente, contra casos sintomáticos de Covid-19 causados pela B.1.617.2, duas semanas após a aplicação da segunda dose. Ambas tiveram 33% de efetividade contra casos sintomáticos de Covid-19 causados pela B.1.617.2 após a aplicação da primeira dose [122]

4.5 Outras variantes de atenção para a saúde pública

Com o intuito de qualificar as ações de resposta à pandemia, pesquisadores têm desenvolvido muitos estudos envolvendo o sequenciamento genético do SARS-CoV-2. Foram identificadas inúmeras

variações genéticas, que originaram variantes e linhagens do vírus. Algumas, denominadas como VUIs, deverão passar por intensa investigação científica porque apresentam mutações capazes de conferir alguma vantagem seletiva. Atualmente, algumas autoridades mundiais de saúde e sanitárias demonstram interesse em monitorá-las.

4.5.1 Variante P.2, linhagem B.1.1.28.2

Detectada primeiramente no Rio de Janeiro, a VUI P.2, linhagem B.1.1.28, apresenta um conjunto de 3 importantes mutações na proteína S, incluindo a mutação E484K que também se encontra presente na VOC P.1 e na linhagem B.1.351 [123,124]. A variante ainda não é considerada uma VOC pela classificação dada pelo PANGO Lineages [4].

A VUI P.2 encontra-se circulante em 36 países [4]. Até o presente momento, foi identificada em 23 UF: Rondônia, Amazonas, Roraima, Pará, Amapá, Tocantins, Maranhão, Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba, Alagoas, Sergipe, Bahia, Minas Gerais, Espírito Santo, Rio de Janeiro, São Paulo, Paraná, Santa Catarina, Mato Grosso do Sul, Goiás, Distrito Federal e Rio Grande do Sul.

4.5.1.1 Transmissibilidade Conforme mencionado, a mutação N501Y promove aumento significativo na afinidade do RDB viral ao receptor de ECA2, ocasionando maior transmissibilidade. Em contrapartida, a mutação E484K não confere efeito na afinidade de ligação do vírus ao receptor da ECA2. Por possuir apenas esta última mutação, o aumento rápido da prevalência da VUI P.2, variante predominante no Brasil, talvez esteja relacionado ao escape imunológico ao invés do aumento da transmissibilidade [125].

4.5.1.2 Imunidade, infecção e vacinação Com base na avaliação do potencial neutralizante de soros de 48 indivíduos vacinados com uma ou duas doses da BNT162b2 (Pfizer) ou da mRNA-2173

(Moderna) contra pseudovírus demonstrou-se que a neutralização contra a VUI P.2 foi reduzida em 13,4 vezes [109].

Foi relatado, em março de 2021, uma possível reinfecção pela P.2 em um indivíduo morador do Rio Grande do Sul previamente infectado pela P.1. Apesar disso, não foi possível rastrear a dinâmica de transmissão a partir das evidências coletadas [126].

Foi reportado um caso de reinfecção pela P.2 em uma paciente de Salvador que apresentou Covid-19 leve nas duas ocasiões. A reinfecção ocorreu em outubro de 2020, 147 dias após o primeiro episódio de infecção por SARS-CoV-2 da linhagem comumente circulante no momento (B.1.1.33) [127].

O regime de vacinação de duas doses da Covaxin (BBV152) aumentou significativamente o título de IgG e a eficácia neutralizante contra a variante B.1.1.28.2 (P2) e linhagens anteriores, caracterizadas pela mutação D614G [128].

Referências

1. WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard [Internet]. [citado 11 de fevereiro de 2021]. Recuperado de: <https://covid19.who.int>
2. Coronavírus Brasil [Internet]. [citado 11 de fevereiro de 2021]. Recuperado de: <https://covid.saude.gov.br/>
3. Rambaut A, Holmes EC, O'Toole Á, Hill V, McCrone JT, Ruis C, et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nature Microbiology* [Internet]. 2020 [citado 11 de fevereiro de 2021];5:1403–7. Recuperado de: <http://www.nature.com/articles/s41564-020-0770-5>
4. PANGO lineages [Internet]. [citado 8 de fevereiro de 2021]. Recuperado de: <https://cov-lineages>.

org/global_report.html

5. Rede Genômica Fiocruz [Internet]. Genomahcov - Fiocruz. [citado 17 de fevereiro de 2021]. Recuperado de: <http://www.genomahcov.fiocruz.br/>
6. Corona-ômica R. INFORME REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI. 2021 jan. Report No.: número 04.
7. Corona-ômica R. INFORME REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI. 2021 fev. Report No.: número 05.
8. Risk Assessment: Risk related to the spread of new SARS-CoV-2 variants of concern in the EU/EEA – first update [Internet]. European Centre for Disease Prevention and Control. 2021 [citado 11 de fevereiro de 2021]. Recuperado de: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/covid-19-risk-assessment-spread-new-variants-concern-eueea-first-update>
9. Ong SWX, Young BE, Lye DC. Lack of detail in population-level data impedes analysis of SARS-CoV-2 variants of concern and clinical outcomes. The Lancet Infectious Diseases [Internet]. Elsevier BV; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fs1473-3099%2821%2900201-2>
10. Jewell BL. Monitoring differences between the SARS-CoV-2 B.1.1.7 variant and other lineages. The Lancet Public Health [Internet]. Elsevier BV; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fs2468-2667%2821%2900073-6>
11. Duverger C, Souyri V, Monteil C, Fournier S, Espinasse F, Gramer MC, et al. Controlling healthcare-associated transmission of SARS-CoV-2 Variant of Concern 202012/01 in a large hospital network. Journal of Hospital Infection [Internet]. Elsevier BV; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fj.jhin.2021.04.031>
12. Kidd M, Richter A, Best A, Cumley N, Mirza J, Percival B, et al. S-Variant SARS-CoV-2 Lineage B1.1.7 Is Associated With Significantly Higher Viral Load in Samples Tested by TaqPath Polymerase Chain Reaction. The Journal of Infectious Diseases [Internet]. Oxford University Press (OUP); 2021;223:1666–70. Recuperado de: <https://doi.org/10.1093%2Finfdis%2Fjiab082>

13. Davies NG, Abbott S, Barnard RC, Jarvis CI, Kucharski AJ, Munday JD, et al. Estimated transmissibility and impact of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 in England. Cold Spring Harbor Laboratory; 2020; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2020.12.24.20248822>
14. Lindstrøm JC, Engebretsen S, Kristoffersen AB, Isaksson Rø G Øyvind, Palomares AD-L, Engø-Monsen K, et al. Increased transmissibility of the B.1.1.7 SARS-CoV-2 variant: Evidence from contact tracing data in Oslo, January to February 2021. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.29.21254122>
15. Gaymard A, Bosetti P, Feri A, Destras G, Enouf V, Andronico A, et al. Early assessment of diffusion and possible expansion of SARS-CoV-2 Lineage 20I/501Y.V1 (B.1.1.7, variant of concern 202012/01) in France, January to March 2021. Eurosurveillance [Internet]. European Centre for Disease Control; Prevention (ECDC); 2021;26. Recuperado de: <https://doi.org/10.2807%2F1560-7917.es.2021.26.9.2100133>
16. Chagla Z, Ma H, Sander B, Baral SD, Mishra S. Characterizing the disproportionate burden of SARS-CoV-2 variants of concern among essential workers in the Greater Toronto Area, Canada. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.22.21254127>
17. Grabowski F, Preibisch G, Giziński S, Kochańczyk M, Lipniacki T. SARS-CoV-2 Variant of Concern 202012/01 has about twofold replicative advantage and acquires concerning mutations. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2020.12.28.20248906>
18. Stefanelli P, Trentini F, Guzzetta G, Marziano V, Mammone A, Poletti P, et al. Co-circulation of SARS-CoV-2 variants B.1.1.7 and P.1. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.06.21254923>
19. Kidd M, Richter A, Best A, Cumley N, Mirza J, Percival B, et al. S-variant SARS-CoV-2 lineage B1.1.7 is associated with significantly higher viral loads in samples tested by ThermoFisher TaqPath RT-qPCR. The Journal of Infectious Diseases [Internet]. 2021 [citado 17 de fevereiro de 2021];jiab082.

Recuperado de: <https://academic.oup.com/jid/advance-article/doi/10.1093/infdis/jiab082/6134354>

20. Kissler SM, Fauver JR, Mack C, Tai CG, Breban MI, Watkins AE, et al. Densely sampled viral trajectories suggest longer duration of acute infection with B.1.1.7 variant relative to non-B.1.1.7 SARS-CoV-2. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.02.16.21251535>

21. Brown JC, Goldhill DH, Zhou J, Peacock TP, Frise R, Goonawardane N, et al. Increased transmission of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 (VOC 2020212/01) is not accounted for by a replicative advantage in primary airway cells or antibody escape. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.02.24.432576>

22. Krutikov M, Hayward A, Shallcross L. Spread of a Variant SARS-CoV-2 in Long-Term Care Facilities in England. New England Journal of Medicine [Internet]. Massachusetts Medical Society; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1056%2Fnejmc2035906>

23. Roquebert B, Haim-Boukobza S, Trombert-Paolantoni S, Lecorche E, Verdurme L, Foulongne V, et al. SARS-CoV-2 variants of concern are associated with lower RT-PCR amplification cycles between January and March 2021 in France. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.19.21253971>

24. Touret F, Luciani L, Baronti C, Cochin M, Driouich J-S, Gilles M, et al. Replicative fitness SARS-CoV-2 201/501Y.V1 variant in a human reconstituted bronchial epithelium. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.22.436427>

25. Mok BW-Y, Liu H, Lau S-Y, Deng S, Liu S, Tam RC-Y, et al. Low dose inocula of SARS-CoV-2 B.1.1.7 variant initiate more robust infections in the upper respiratory tract of hamsters than earlier D614G variants. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.19.440414>

26. Ramanathan M, Ferguson ID, Miao W, Khavari PA. SARS-CoV-2 B.1.1.7 and B.1.351 Spike variants bind human ACE2 with increased affinity. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.02.22.432359>
27. Tian F, Tong B, Sun L, Shi S, Zheng B, Wang Z, et al. Mutation N501Y in RBD of Spike Protein Strengthens the Interaction between COVID-19 and its Receptor ACE2. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.02.14.431117>
28. Cai Y, Zhang J, Xiao T, Lavine CL, Rawson S, Peng H, et al. Structural basis for enhanced infectivity and immune evasion of SARS-CoV-2 variants. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.13.439709>
29. Kumar V, Singh J, Hasnain SE, Sundar D. Possible link between higher transmissibility of B.1.617 and B.1.1.7 variants of SARS-CoV-2 and increased structural stability of its spike protein and hACE2 affinity. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.29.441933>
30. Ozono S, Zhang Y, Ode H, Sano K, Tan TS, Imai K, et al. SARS-CoV-2 D614G spike mutation increases entry efficiency with enhanced ACE2-binding affinity. Nature Communications [Internet]. 2021 [citado 17 de fevereiro de 2021];12:848. Recuperado de: <http://www.nature.com/articles/s41467-021-21118-2>
31. Daniloski Z, Jordan TX, Ilmain JK, Guo X, Bhabha G, tenOever BR, et al. The Spike D614G mutation increases SARS-CoV-2 infection of multiple human cell types. eLife [Internet]. 2021 [citado 17 de fevereiro de 2021];10:e65365. Recuperado de: <https://elifesciences.org/articles/65365>
32. Peters MH, Bastidas O, Kokron DS, Henze CE. Transformations, Comparisons, and Analysis of Down to Up Protomer States of Variants of the SARS-CoV-2 Prefusion Spike Protein Including the UK Variant B.1.1.7 [Internet]. Biophysics; 2021 fev. Recuperado de: <http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/>

2021.02.09.430519

33. Socher E, Conrad M, Heger L, Paulsen F, Sticht H, Zünke F, et al. Mutations in the B.1.1.7 SARS-CoV-2 spike protein reduce receptor-binding affinity and induce a flexible link to the fusion peptide. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101/2021.04.06.438584>

34. Rynkiewicz P, Babbitt GA, Cui F, Hudson AO, Lynch ML. Betacoronavirus binding dynamics relevant to the functional evolution of the highly transmissible SARS-CoV-2 variant N501Y. Cold Spring Harbor Laboratory; 2020; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101/2020.09.11.293258>

35. Gobeil S, Janowska K, McDowell S, Mansouri K, Parks R, Stalls V, et al. Effect of natural mutations of SARS-CoV-2 on spike structure, conformation and antigenicity. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101/2021.03.11.435037>

36. Wu H, Xing N, Meng K, Fu B, Xue W, Dong P, et al. Nucleocapsid mutation R203K/G204R increases the infectivity, fitness and virulence of SARS-CoV-2. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101/2021.05.24.445386>

37. Grabowski F, Kościński M, Lipniacki T. L18F substrain of SARS-CoV-2 VOC-202012/01 is rapidly spreading in England [Internet]. Epidemiology; 2021 fev. Recuperado de: <http://medrxiv.org/lookup/doi/10.1101/2021.02.07.21251262>

38. Ferasin L, Fritz M, Ferasin H, Becquart P, Legros V, Leroy EM. Myocarditis in naturally infected pets with the British variant of COVID-19. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101/2021.03.18.435945>

39. Hamer SA, Ghai RR, Zecca IB, Auckland LD, Roundy CM, Davila E, et al. SARS-CoV-2 B.1.1.7 variant of concern detected in a pet dog and cat after exposure to a person with COVID-19, USA. Transboundary and Emerging Diseases [Internet]. Wiley; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1111/2Ftbbed.14122>

40. Pereira F. SARS-CoV-2 variants combining spike mutations and the absence of ORF8 may be more transmissible and require close monitoring. *Biochemical and Biophysical Research Communications* [Internet]. Elsevier BV; 2021;550:8–14. Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fj.bbrc.2021.02.080>

41. Elliott J, Whitaker M, Bodinier B, Riley S, Ward H, Cooke G, et al. Symptom reporting in over 1 million people: community detection of COVID-19 [Internet]. *Infectious Diseases (except HIV/AIDS)*; 2021 fev. Recuperado de: <http://medrxiv.org/lookup/doi/10.1101/2021.02.10.21251480>

42. Snell LB, Wang W, Alcolea-Medina A, Charalampous T, Nebbia G, Batra R, et al. First and second SARS-CoV-2 waves in inner London: A comparison of admission characteristics and the impact of the B.1.1.7 variant. *Cold Spring Harbor Laboratory*; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.16.21253377>

43. Brookman S, Cook J, Zucherman M, Broughton S, Harman K, Gupta A. Effect of the new SARS-CoV-2 variant B.1.1.7 on children and young people. *The Lancet Child & Adolescent Health* [Internet]. Elsevier BV; 2021;5:e9–10. Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fs2352-4642%2821%2900030-4>

44. Courjon J, Contenti J, Demonchy E, Levraut J, Barbry P, Rios G, et al. Spread of the SARS-CoV-2 UK-variant in the South East of France: impact on COVID-19 patients' age, comorbidity profiles and clinical presentation. *Cold Spring Harbor Laboratory*; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.12.21253817>

45. Davies NG, Abbott S, Barnard RC, Jarvis CI, Kucharski AJ, Munday J, et al. Estimated transmissibility and severity of novel SARS-CoV-2 Variant of Concern 202012/01 in England [Internet]. *Epidemiology*; 2020 dez. Recuperado de: <http://medrxiv.org/lookup/doi/10.1101/2020.12.24.20248822>

46. Davies NG, Jarvis CI, Edmunds WJ, Jewell NP, Diaz-Ordaz K, and RHK. Increased mortality in community-tested cases of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7. *Cold Spring Harbor Laboratory*; 2021;

Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.02.01.21250959>

47. Patone M, Thomas K, Hatch R, Tan PS, Coupland C, Liao W, et al. Analysis of severe outcomes associated with the SARS-CoV-2 Variant of Concern 202012/01 in England using ICNARC Case Mix Programme and QResearch databases. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.11.21253364>

48. Jabłońska K, Aballéa S, Auquier P, Toumi M. On the association between SARS-COV-2 variants and COVID-19 mortality during the second wave of the pandemic in Europe. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.25.21254289>

49. Challen R, Brooks-Pollock E, Read JM, Dyson L, Tsaneva-Atanasova K, Danon L. Risk of mortality in patients infected with SARS-CoV-2 variant of concern 202012/1: matched cohort study. BMJ [Internet]. BMJ; 2021;n579. Recuperado de: <https://doi.org/10.1136%2Fbmj.n579>

50. Grint DJ, Wing K, Williamson E, McDonald HI, Bhaskaran K, Evans D, et al. Case fatality risk of the SARS-CoV-2 variant of concern B.1.1.7 in England. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.04.21252528>

51. Diabelko D, Dvorackova M, Heroldova MD, Forte G, Cundrle I, Ruzicka F, et al. Monitoring of SARS-CoV-2 B.1.1.7 variant early-phase spreading in South-Moravian Region in the Czech Republic and evaluation of its pathogenicity. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.05.24.21257365>

52. Woldemeskel BA, Garliss CC, Blankson JN. SARS-CoV-2 mRNA vaccines induce broad CD4+ T cell responses that recognize SARS-CoV-2 variants and HCoV-NL63. Journal of Clinical Investigation [Internet]. American Society for Clinical Investigation; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1172%2Fjci149335>

53. Bates TA, Leier HC, Lyski ZL, McBride SK, Coulter FJ, Weinstein JB, et al. Neutralization of

SARS-CoV-2 variants by convalescent and vaccinated serum. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.04.21254881>

54. Chen RE, Zhang X, Case JB, Winkler ES, Liu Y, VanBlargan LA, et al. Resistance of SARS-CoV-2 variants to neutralization by monoclonal and serum-derived polyclonal antibodies. Nature Medicine [Internet]. Springer Science; Business Media LLC; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1038%2Fs41591-021-01294-w>

55. Liu H, Zhang Q, Wei P, Chen Z, Aviszus K, Yang J, et al. The basis of a more contagious 501Y.V1 variant of SARS-CoV-2. Cell Research [Internet]. Springer Science; Business Media LLC; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1038%2Fs41422-021-00496-8>

56. Marot S, Malet I, Leducq V, Abdi B, Teyssou E, Soulie C, et al. Neutralization heterogeneity of United Kingdom and South-African SARS-CoV-2 variants in BNT162b2-vaccinated or convalescent COVID-19 healthcare workers. Clinical Infectious Diseases [Internet]. Oxford University Press (OUP); 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1093%2Fcid%2Fciab492>

57. Castonguay N, Zhang W, Langlois M-A. Meta-Analysis of the Dynamics of the Emergence of Mutations and Variants of SARS-CoV-2. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.06.21252994>

58. Stankov MV, Cossmann A, Bonifacius A, Dopfer-Jablonka A, Ramos GM, Gödecke N, et al. Humoral and cellular immune responses against SARS-CoV-2 variants and human coronaviruses after single BNT162b2 vaccination. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.16.21255412>

59. Planas D, Bruel T, Grzelak L, Guivel-Benhassine F, Staropoli I, Porrot F, et al. Sensitivity of infectious SARS-CoV-2 B.1.1.7 and B.1.351 variants to neutralizing antibodies. Nature Medicine [Internet]. Springer Science; Business Media LLC; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1038%2Fs41591-021->

01318-5

60. Edara VV, Hudson WH, Xie X, Ahmed R, Suthar MS. Neutralizing Antibodies Against SARS-CoV-2 Variants After Infection and Vaccination. JAMA [Internet]. American Medical Association (AMA); 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1001%2Fjama.2021.4388>

61. Reynolds CJ, Pade C, Gibbons JM, Butler DK, Otter AD, Menacho K, et al. Prior SARS-CoV-2 infection rescues B and T cell responses to variants after first vaccine dose. Science [Internet]. American Association for the Advancement of Science (AAAS); 2021; eabh1282. Recuperado de: <https://doi.org/10.1126%2Fscience.abh1282>

62. Sansone E, Tiraboschi M, Sala E, Albin E, Lombardo M, Castelli F, et al. Effectiveness of BNT162b2 vaccine against the B.1.1.7 variant of SARS-CoV-2 among healthcare workers in Brescia, Italy. Journal of Infection [Internet]. Elsevier BV; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fj.jinf.2021.04.038>

63. Abu-Raddad LJ, Chemaitelly H, Butt AA. Effectiveness of the BNT162b2 Covid-19 Vaccine against the B.1.1.7 and B.1.351 Variants. New England Journal of Medicine [Internet]. Massachusetts Medical Society; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1056%2Fnejmc2104974>

64. Emary KRW, Golubchik T, Aley PK, Ariani CV, Angus B, Bibi S, et al. Efficacy of ChAdOx1 nCoV-19 (AZD1222) vaccine against SARS-CoV-2 variant of concern 202012/01 (B.1.1.7): an exploratory analysis of a randomised controlled trial. The Lancet [Internet]. Elsevier BV; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fs0140-6736%2821%2900628-0>

65. Ikegame S, Siddiquey MNA, Hung C-T, Haas G, Brambilla L, Oguntuyo KY, et al. Qualitatively distinct modes of Sputnik V vaccine-neutralization escape by SARS-CoV-2 Spike variants. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.31.21254660>

66. Wang G-L, Wang Z-Y, Duan L-J, Meng Q-C, Jiang M-D, Cao J, et al. Susceptibility of Circulating

SARS-CoV-2 Variants to Neutralization. New England Journal of Medicine [Internet]. Massachusetts Medical Society; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1056%2Fnejmc2103022>

67. Chen Y, Shen H, Huang R, Tong X, Wu C. Serum neutralising activity against SARS-CoV-2 variants elicited by CoronaVac. The Lancet Infectious Diseases [Internet]. Elsevier BV; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fs1473-3099%2821%2900287-5>

68. Pageaud S, Ponthus N, Gauchon R, Pothier C, Rigotti C, Eyraud-Loisel A, et al. Adapting French COVID-19 vaccination campaign duration to variant dissemination. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.17.21253739>

69. Cantoni D, Mayora-Neto M, Nadesalingham A, Wells DA, Carnell GW, Ohlendorf L, et al. Standardised, quantitative neutralisation responses to SARS-CoV-2 Variants of Concern by convalescent anti-sera from first wave infections of UK Health Care Workers and Patients. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.05.24.21257729>

70. Tegally H, Wilkinson E, Giovanetti M, Iranzadeh A, Fonseca V, Giandhari J, et al. Emergence of a SARS-CoV-2 variant of concern with mutations in spike glycoprotein. Nature [Internet]. Springer Science; Business Media LLC; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1038%2Fs41586-021-03402-9>

71. Montagutelli X, Prot M, Levillayer L, Salazar EB, Jouvion G, Conquet L, et al. The B.1.351 and P.1 variants extend SARS-CoV-2 host range to mice. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.18.436013>

72. Spinello A, Saltalamacchia A, Borišek J, Magistrato A. Allosteric Cross-Talk Among SARS-CoV-2 Spike's Receptor-Binding Domain Mutations Triggers an Effective Hijacking of Human Cell Receptor. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.30.441093>

73. Sah P, Vilches TN, Shoukat A, Pandey A, Fitzpatrick MC, Moghadas SM, et al. Quantifying the potential for dominant spread of SARS-CoV-2 variant B.1.351 in the United States. Cold Spring Harbor

Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.05.10.21256996>

74. Marot S, Malet I, Jary A, Leducq V, Abdi B, Teyssou E, et al. Neutralization heterogeneity of United Kingdom and South-African SARS-CoV-2 variants in BNT162b2-vaccinated or convalescent COVID-19 healthcare workers. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.05.434089>

75. Moyo-Gwete T, Madzivhandila M, Makhado Z, Ayres F, Mhlanga D, Oosthuysen B, et al. SARS-CoV-2 501Y.V2 (B.1.351) elicits cross-reactive neutralizing antibodies. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.06.434193>

76. Guo K, Barrett BS, Mickens KL, Hasenkrug KJ, Santiago ML. Interferon Resistance of Emerging SARS-CoV-2 Variants. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.20.436257>

77. Chen X, Chen Z, Azman AS, Sun R, Lu W, Zheng N, et al. Comprehensive mapping of neutralizing antibodies against SARS-CoV-2 variants induced by natural infection or vaccination. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.05.03.21256506>

78. Cele S, Gazy I, Jackson L, Hwa S-H, Tegally H, Lustig G, et al. Escape of SARS-CoV-2 501Y.V2 variants from neutralization by convalescent plasma. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.01.26.21250224>

79. Hoffmann M, Arora P, Groß R, Seidel A, Hörnich BF, Hahn AS, et al. SARS-CoV-2 variants B.1.351 and P.1 escape from neutralizing antibodies. Cell [Internet]. Elsevier BV; 2021;184:2384–2393.e12. Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fj.cell.2021.03.036>

80. Redd AD, Nardin A, Kared H, Bloch EM, Pekosz A, Laeyendecker O, et al. CD8+ T cell responses in COVID-19 convalescent individuals target conserved epitopes from multiple prominent SARS-CoV-2 circulating variants [Internet]. Allergy; Immunology; 2021 fev. Recuperado de: <http://medrxiv.org/>

lookup/doi/10.1101/2021.02.11.21251585

81. Tarke A, Sidney J, Methot N, Zhang Y, Dan JM, Goodwin B, et al. Negligible impact of SARS-CoV-2 variants on CD4+ and CD8+ T cell reactivity in COVID-19 exposed donors and vaccinees. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.02.27.433180>

82. Ge A, Rioux M, Kelvin AA. Computational assessment of the spike protein antigenicity reveals diversity in B cell epitopes but stability in T cell epitopes across SARS-CoV-2 variants. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.25.437035>

83. Neidleman J, Luo X, McGregor M, Xie G, Murray V, Greene WC, et al. mRNA vaccine-induced SARS-CoV-2-specific T cells recognize B.1.1.7 and B.1.351 variants but differ in longevity and homing properties depending on prior infection status. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.05.12.443888>

84. Wang P, Nair MS, Liu L, Iketani S, Luo Y, Guo Y, et al. Antibody Resistance of SARS-CoV-2 Variants B.1.351 and B.1.1.7 [Internet]. Immunology; 2021 jan. Recuperado de: <http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2021.01.25.428137>

85. Edara VV, Norwood C, Floyd K, Lai L, Davis-Gardner ME, Hudson WH, et al. Infection- and vaccine-induced antibody binding and neutralization of the B.1.351 SARS-CoV-2 variant. Cell Host & Microbe [Internet]. 2021 [citado 23 de abril de 2021];29:516–521.e3. Recuperado de: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1931312821001372>

86. Garcia-Beltran WF, Lam EC, Denis KSt, Nitido AD, Garcia ZH, Hauser BM, et al. Multiple SARS-CoV-2 variants escape neutralization by vaccine-induced humoral immunity. Cell [Internet]. Elsevier BV; 2021;184:2372–2383.e9. Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fj.cell.2021.03.013>

87. Stamatatos L, Czartoski J, Wan Y-H, Homad LJ, Rubin V, Glantz H, et al. mRNA vaccination boosts cross-variant neutralizing antibodies elicited by SARS-CoV-2 infection. Science [Internet]. American

Association for the Advancement of Science (AAAS); 2021; eabg9175. Recuperado de: <https://doi.org/10.1126%2Fscience.abg9175>

88. Kustin T, Harel N, Finkel U, Perchik S, Harari S, Tahor M, et al. Evidence for increased breakthrough rates of SARS-CoV-2 variants of concern in BNT162b2 mRNA vaccinated individuals. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.06.21254882>

89. Röltgen K, Nielsen SCA, Arunachalam PS, Yang F, Hoh RA, Wirz OF, et al. mRNA vaccination compared to infection elicits an IgG-predominant response with greater SARS-CoV-2 specificity and similar decrease in variant spike recognition. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.05.21254952>

90. Lustig Y, Nemet I, Kliker L, Zuckerman N, Yishai R, Alroy-Preis S, et al. Neutralizing Response against Variants after SARS-CoV-2 Infection and One Dose of BNT162b2. New England Journal of Medicine [Internet]. Massachusetts Medical Society; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1056%2Fnejmc2104036>

91. Madhi SA, Baillie V, Cutland CL, Voysey M, Koen AL, Fairlie L, et al. Efficacy of the ChAdOx1 nCoV-19 Covid-19 Vaccine against the B.1.351 Variant. New England Journal of Medicine [Internet]. Massachusetts Medical Society; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1056%2Fnejmoa2102214>

92. Wu K, Choi A, Koch M, Ma L, Hill A, Nunna N, et al. Preliminary Analysis of Safety and Immunogenicity of a SARS-CoV-2 Variant Vaccine Booster. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.05.05.21256716>

93. Neuzil KM. Interplay between Emerging SARS-CoV-2 Variants and Pandemic Control. New England Journal of Medicine [Internet]. Massachusetts Medical Society; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1056%2Fnejme2103931>

94. Hassan AO, Shrihari S, Gorman MJ, Ying B, Yuan D, Raju S, et al. An intranasal vaccine durably

protects against SARS-CoV-2 variants in mice. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.05.08.443267>

95. Shinde V, Bhikha S, Hoosain Z, Archary M, Bhorat Q, Fairlie L, et al. Efficacy of NVX-CoV2373 Covid-19 Vaccine against the B.1.351 Variant. New England Journal of Medicine [Internet]. Massachusetts Medical Society; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1056%2Fnejmoa2103055>

96. Geers D, Shamier MC, Bogers S, Hartog G den, Gommers L, Nieuwkoop NN, et al. SARS-CoV-2 variants of concern partially escape humoral but not T-cell responses in COVID-19 convalescent donors and vaccinees. Science Immunology [Internet]. American Association for the Advancement of Science (AAAS); 2021;6:eabj1750. Recuperado de: <https://doi.org/10.1126%2Fsciimmunol.abj1750>

97. Fujino T, Nomoto H, Kutsuna S, Ujiie M, Suzuki T, Sato R, et al. Novel SARS-CoV-2 Variant Identified in Travelers from Brazil to Japan. Emerging Infectious Diseases [Internet]. 2021 [citado 18 de fevereiro de 2021];27. Recuperado de: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/27/4/21-0138_article.htm

98. Hirotsu Y, Omata M. Discovery of a SARS-CoV-2 variant 1 from the P.1 lineage harboring K417T/E484K/N501Y mutations in Kofu, Japan. Journal of Infection [Internet]. Elsevier BV; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fj.jinf.2021.03.013>

99. FIOCRUZ/ILMD, FVS-AM. Caracterização genética do SARS-CoV-2 circulante no Estado do Amazonas. [Internet]. 2021 jan. Report No.: N° 09. Recuperado de: <http://www.genomahcov.fiocruz.br/protocolos/>

100. Wang P, Wang M, Yu J, Cerutti G, Nair MS, Huang Y, et al. Increased Resistance of SARS-CoV-2 Variant P.1 to Antibody Neutralization. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.01.433466>

101. Vogel M, Chang X, Augusto GS, Mohsen MO, Speiser DE, Bachmann MF. SARS-CoV-2 variant with higher affinity to ACE2 shows reduced sera neutralization susceptibility. Cold Spring Harbor

Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.04.433887>

102. Resende PC, Naveca FG, Lins RD, Dezordi FZ, Ferraz MVF, Moreira EG, et al. The ongoing evolution of variants of concern and interest of SARS-CoV-2 in Brazil revealed by convergent indels in the amino (N)-terminal domain of the Spike protein. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.19.21253946>

103. Oliveira MHS de, Lippi G, Henry BM. Sudden rise in COVID-19 case fatality among young and middle-aged adults in the south of Brazil after identification of the novel B.1.1.28.1 (P.1) SARS-CoV-2 strain: analysis of data from the state of Parana. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.24.21254046>

104. Freitas ARR, Lemos DRQ, Beckedorff OA, Góes Cavalcanti LP de, Siqueira AM, Mello RCS de, et al. The increase in the risk of severity and fatality rate of covid-19 in southern Brazil after the emergence of the Variant of Concern (VOC) SARS-CoV-2 P.1 was greater among young adults without pre-existing risk conditions. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.13.21255281>

105. Takemoto MLS, Nakamura-Pereira M, Menezes MO, Katz L, Knobel R, Amorim MMR, et al. Higher case fatality rate among obstetric patients with COVID-19 in the second year of pandemic in Brazil: do new genetic variants play a role? Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.05.06.21256651>

106. Yuan M, Huang D, Lee C-CD, Wu NC, Jackson AM, Zhu X, et al. Structural and functional ramifications of antigenic drift in recent SARS-CoV-2 variants. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.02.16.430500>

107. Hoffmann M, Arora P, Gross R, Seidel A, Hoernich B, Hahn A, et al. SARS-CoV-2 variants B.1.351 and B.1.1.248: Escape from therapeutic antibodies and antibodies induced by infection and vaccination

[Internet]. Molecular Biology; 2021 fev. Recuperado de: <http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2021.02.11.430787>

108. Tada T, Dcosta BM, Samanovic-Golden M, Herati RS, Cornelius A, Mulligan MJ, et al. Neutralization of viruses with European, South African, and United States SARS-CoV-2 variant spike proteins by convalescent sera and BNT162b2 mRNA vaccine-elicited antibodies [Internet]. Microbiology; 2021 fev. Recuperado de: <http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2021.02.05.430003>

109. Garcia-Beltran WF, Lam EC, Denis KSt, Nitido AD, Garcia ZH, Hauser BM, et al. Circulating SARS-CoV-2 variants escape neutralization by vaccine-induced humoral immunity. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.02.14.21251704>

110. Souza WM de, Amorim MR, Sesti-Costa R, Coimbra LD, Toledo-Teixeira DA de, Parise PL, et al. Levels of SARS-CoV-2 Lineage P.1 Neutralization by Antibodies Elicited after Natural Infection and Vaccination [Internet]. Rochester, NY: Social Science Research Network; 2021 mar. Report No.: ID 3793486. Recuperado de: <https://papers.ssrn.com/abstract=3793486>

111. Dejnirattisai W, Zhou D, Supasa P, Liu C, Mentzer AJ, Ginn HM, et al. Antibody evasion by the Brazilian P.1 strain of SARS-CoV-2. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.12.435194>

112. Leier HC, Bates TA, Lyski ZL, McBride SK, Lee DX, Coulter FJ, et al. Previously infected vaccinees broadly neutralize SARS-CoV-2 variants. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.25.21256049>

113. Wang P, Casner RG, Nair MS, Wang M, Yu J, Cerutti G, et al. Increased Resistance of SARS-CoV-2 Variant P.1 to Antibody Neutralization. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.03.01.433466>

114. Prete CA, Buss LF, Abraham CMM, Salomon T, Crispim MAE, Oikawa MK, et al. Reinfection by

the SARS-CoV-2 P.1 variant in blood donors in Manaus, Brazil. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.05.10.21256644>

115. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Emergence of SARS-CoV-2 B.1.617 variants in India and situation in the EU-EEA [Internet]. Stockholm; 2021 nov. Recuperado de: https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Emergence-of-SARS-CoV-2-B.1.617-variants-in-India-and-situation-in-the-EUEEA_0.pdf

116. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). COVID-19 situation update worldwide, as of week 17 [Internet]. Stockholm; 2021 jun. Recuperado de: <https://www.ecdc.europa.eu/en/geographical-distribution-2019-ncov-cases>

117. Julia L. Mullen, Ginger Tsueng, Alaa Abdel Latif, Manar Alkuzweny, Marco Cano, Emily Haag, et al. outbreak.info [Internet]. outbreak.info. Recuperado de: <https://outbreak.info/>

118. Verghese M, Jiang B, Iwai N, Mar M, Sahoo MK, Yamamoto F, et al. Identification of a SARS-CoV-2 Variant with L452R and E484Q Neutralization Resistance Mutations. Journal of Clinical Microbiology [Internet]. American Society for Microbiology; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1128%2Fjcm.00741-21>

119. Yadav PD, Sapkal GN, Abraham P, Ella R, Deshpande G, Patil DY, et al. Neutralization of variant under investigation B.1.617 with sera of BBV152 vaccinees. Clinical Infectious Diseases [Internet]. Oxford University Press (OUP); 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1093%2Fcid%2Fciab411>

120. Hoffmann M, Hofmann-Winkler H, Krüger N, Kempf A, Nehlmeier I, Graichen L, et al. SARS-CoV-2 variant B.1.617 is resistant to Bamlanivimab and evades antibodies induced by infection and vaccination. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.05.04.442663>

121. Edara V-V, Lai L, Sahoo MK, Floyd K, Sibai M, Solis D, et al. Infection and vaccine-induced

neutralizing antibody responses to the SARS-CoV-2 B.1.617.1 variant. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.05.09.443299>

122. Bernal JL, Andrews N, Gower C, Gallagher E, Simmons R, Thelwall S, et al. Effectiveness of COVID-19 vaccines against the B.1.617.2 variant. medRxiv [Internet]. Cold Spring Harbor Laboratory Press; 2021; Recuperado de: <https://www.medrxiv.org/content/early/2021/05/24/2021.05.22.21257658>

123. Voloch CM, Silva F R da, Almeida LGP de, Cardoso CC, Brustolini OJ, Gerber AL, et al. Genomic characterization of a novel SARS-CoV-2 lineage from Rio de Janeiro, Brazil [Internet]. Genetic; Genomic Medicine; 2020 dez. Recuperado de: <http://medrxiv.org/lookup/doi/10.1101/2020.12.23.20248598>

124. Toovey OTR, Harvey KN, Bird PW, Tang JW-TW-T. Introduction of Brazilian SARS-CoV-2 484K.V2 related variants into the UK. Journal of Infection [Internet]. Elsevier BV; 2021;82:e23–4. Recuperado de: <https://doi.org/10.1016%2Fj.jinf.2021.01.025>

125. Laffeber C, Koning K de, Kanaar R, Lebbink JH. Experimental evidence for enhanced receptor binding by rapidly spreading SARS-CoV-2 variants. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.02.22.432357>

126. Vírus-MCTI R. INFORME N.14 REDE CORONA-ÔMICA.BR-MCTI. 2021 abr. Report No.: 14.

127. Nonaka CKV, Franco MM, Gräf T, Lorenzo Barcia CA de, Mendonça RN de Ávila, Sousa KAF de, et al. Genomic Evidence of SARS-CoV-2 Reinfection Involving E484K Spike Mutation, Brazil. Emerging Infectious Diseases [Internet]. Centers for Disease Control; Prevention (CDC); 2021;27:1522–4. Recuperado de: <https://doi.org/10.3201%2F2021.05.21.210191>

128. Sapkal G, Yadav P, Ella R, Abraham P, Patil D, Gupta N, et al. Neutralization of B.1.1.28 P2 variant with sera of natural SARS-CoV-2 infection and recipients of BBV152 vaccine. Cold Spring Harbor Laboratory; 2021; Recuperado de: <https://doi.org/10.1101%2F2021.04.30.441559>

ESTRATÉGIA DE BUSCA

O presente informe foi elaborado com base em buscas nas seguintes fontes, utilizando as seguintes estratégias de busca. A busca foi delimitada por citações indexadas nas bases durante o período de 24 de maio de 2021 até 30 de maio de 2021.

Base de dados	Estratégia de busca	Resultados da busca	Resultados considerados no informe	Acumulado desde o Primeiro Informe Semanal
PUBMED (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/)	((("2019-nCoV"[Title/Abstract] OR "ncov*" [Title/Abstract] OR "covid-19"[Title/Abstract] OR "covid19"[Title/Abstract] OR "covid-19"[Title/Abstract] OR "coronavirus"[MeSH Terms] OR "coronavirus"[Title/Abstract] OR "sars-cov-2"[Title/Abstract] OR "severe acute respiratory syndrome coronavirus 2"[Supplementary Concept])) AND ((variant*[Title]) OR (mutation[Title]) OR (strain[Title]))	30	10	
Medrxiv e Biorxiv (https://www.medrxiv.org/search)	("coronavirus" or "covid-19" or "sars-cov-2") AND ("variant" or "mutation" or "strain")	25	5	
Agency for Clinical Innovation, NSW Government, Austrália	https://aci.health.nsw.gov.au/covid-19/critical-intelligence-unit/sars-cov-2-variants			
Public Health England, Reino Unido	https://www.gov.uk/government/collections/new-sars-cov-2-variant			
Organização Mundial da Saúde e Organização Pan-Americana da Saúde	https://www.paho.org/pt/documents			
Nextstrain, All SARS-CoV-2 situation reports	https://nextstrain.org/sars-cov-2/			
Ministério da Saúde – Notas Técnicas da SVS e Revisões de Literatura COEVI/DECIT/SCTIE				
Health Protection Scotland, NHS, Reino Unido	https://www.hps.scot.nhs.uk/publications/			
European Centre for Disease Prevention and Control, União Europeia	https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data			
Centers for Disease Control and Prevention, EUA	https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html			

Health Science Information Consortium of Toronto, Canadá	https://guides.hsict.library.utoronto.ca/2019nCov/Articles			
Scientific Advisory Group for Emergencies, Reino Unido	https://www.gov.uk/government/organisations/scientific-advisory-group-for-emergencies			