Nova variante do vírus Sars-CoV-2 é identificada em três estados

Uma linhagem do vírus Sars-CoV-2 que vem se espalhando pelo mundo foi detectada no Brasil. A linhagem, chamada de XEC, que pertence à variante Omicron, foi identificada no Rio de Janeiro, em São Paulo e em Santa Catarina. O primeiro achado foi realizado pelo Instituto Oswaldo Cruz (IOC/Fiocruz) em amostras referentes a dois pacientes residentes na capital fluminense, diagnosticados com covid-19 em setembro. A identificação foi realizada pelo Laboratório de Vírus Respiratórios, Exantemáticos, Enterovírus e Emergências Virais do IOC, que atua como referência para Sars-CoV-2 junto ao Ministério da Saúde e à Organização Mundial da Saúde (OMS).

O Ministério da Saúde e as secretarias Estadual e Municipal de Saúde do Rio de Janeiro foram rapidamente informados sobre o achado. As sequências genéticas decodificadas foram depositadas na plataforma *online* Gisaid nos dias 26 de setembro e 7 de outubro. Depois das sequências do Rio de Janeiro, também foram depositados, por outros grupos de pesquisadores, genomas da linhagem XEC decodificados em São Paulo, a partir de amostras coletadas em agosto, e em Santa Catarina, de duas amostras coletadas em setembro.

Monitoramento

A XEC foi classificada pela OMS no dia 24 de setembro como uma variante sob monitoramento. Isso ocorre quando uma linhagem apresenta mutações no genoma que são suspeitas de afetar o comportamento do vírus e observam-se os primeiros sinais de "vantagem de crescimento" em relação a outras variantes em circulação. Esta variante começou a chamar atenção em junho e julho de 2024, devido ao aumento de detecções na Alemanha. Rapidamente, espalhou-se pela Europa, pelas Américas, pela Ásia e Oceania. Pelo menos 35 países identificaram a cepa, que soma mais de 2,4 mil sequências genéticas depositadas na plataforma Gisaid até o dia 10 de outubro deste ano.

De acordo com a pesquisadora do Laboratório de Vírus Respiratórios, Exantemáticos, Enterovírus e Emergências Virais do IOC Paola Resende, dados do exterior indicam que a XEC pode ser mais transmissível do que outras linhagens, porém será necessário avaliar o seu comportamento no Brasil. "Em outros países, essa variante tem apresentado sinais de maior transmissibilidade, aumentando a circulação do vírus. É importante observar o que vai

acontecer no Brasil. O impacto da chegada dessa variante pode não ser o mesmo aqui porque a memória imunológica da população é diferente em cada país, devido às linhagens que já circularam no passado", explica Paola, que também atua na Rede Genômica Fiocruz.

A detecção da XEC no Brasil foi realizada a partir de uma estratégia de vigilância que ampliou o sequenciamento de genomas do Sars-CoV-2 na capital fluminense em agosto e setembro. Esta ação contou com a parceria da Secretaria Municipal de Saúde do Rio de Janeiro. Durante três semanas, foi realizada a coleta de amostra de *swab* nasal para envio ao Laboratório de Referência do IOC/Fiocruz em casos positivos para Sars-CoV-2 diagnosticados por testes rápidos em unidades básicas de saúde. Embora tenha apontado a presença da XEC, o monitoramento confirmou o predomínio da linhagem JN.1, que é majoritária no Brasil desde o final do ano passado.

"Realizamos essa ação para compreender em tempo real o que estava ocorrendo no Rio, uma vez que havia um leve aumento nos diagnósticos de covid-19 na cidade. Isso foi muito importante para detectar a variante XEC, que precisará ser acompanhada de agora em diante", detalhou a virologista.

Dados atuais da Secretaria Municipal de Saúde do Rio de Janeiro e do Infogripe, da Fiocruz, não indicam alta nos casos de covid-19 na cidade. A virologista alerta para o enfraquecimento da vigilância genômica do SARS-CoV-2 no Brasil e reforça a necessidade de manter o monitoramento em todo o território nacional.

"Atualmente, estamos sem dados genômicos de diversos estados porque não têm ocorrido coleta e envio de amostras para sequenciamento genético. É muito importante que esse monitoramento seja mantido de forma homogênea no país para acompanhar o impacto da chegada da variante XEC e detectar outras variantes que podem alterar o cenário da covid-19", destacou Paola.

A virologista reforçou ainda que os dados sobre os genomas do Sars-CoV-2 em circulação são relevantes para ajustar a composição das vacinas da covid-19. A OMS conta com um grupo consultivo técnico sobre o tema, que se reúne duas vezes ao ano. Em abril, o comitê recomendou formulação de imunizantes baseados na linhagem JN.1. A próxima reunião está

marcada para dezembro.

Origem

Análises indicam que a XEC surgiu pela recombinação genética entre cepas que circulavam anteriormente. O fenômeno ocorre quando um indivíduo é infectado por duas linhagens virais diferentes simultaneamente. Nessa situação, pode ocorrer a mistura dos genomas dos dois patógenos durante o processo de replicação viral. O genoma da XEC apresenta trechos dos genomas das linhagens KS.1.1 e KP.3.3. Além disso, a linhagem apresenta mutações adicionais que podem conferir vantagens para a sua disseminação.

Edição:
Juliana Andrade
Agência Brasil