

TELAS DA UNIDADE 1

UNIDADE 1

Esta é a página inicial da unidade 1, módulo 1, a qual está dividida em:

- Unidade 1 - Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica
- Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica
- Objetivo(s) da aprendizagem

MENU DE TÓPICOS

Meu progresso

Apresentação do Curso

Unidade 1 - Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Objetivos de Aprendizagem

Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais

[Objetivos](#) [Guia de navegação](#) [Glossário geral](#) [Leitura recomendada](#) [Mais](#)

Unidade 1 - Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Página 1 / 1



Fonte: TarikVision, ID 362762289, Adobe Stock, 2023.

Objetivo(s) da aprendizagem

Identificar os conceitos básicos de epidemiologia.

Reconhecer todas as etapas necessárias para a condução da Vigilância Genômica.

Identificar o conceito de saúde única e a importância do monitoramento genômico para caracterização e resposta às epidemias.

[Iniciar](#)

Unidade 1 - Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Objetivo(s) da aprendizagem

Página 1/1



Fonte: TarikVision, ID 362762289, Adobe Stock, 2023.

Objetivo(s) da aprendizagem

Identificar os conceitos básicos de epidemiologia.

Reconhecer todas as etapas necessárias para a condução da Vigilância Genômica.

Identificar o conceito de saúde única e a importância do monitoramento genômico para caracterização e resposta às epidemias.

Iniciar

Conteúdo dos objetivos de aprendizagem:

[imagem]

Objetivo(s) da aprendizagem

- Identificar os conceitos básicos de epidemiologia.
- Reconhecer todas as etapas necessárias para a condução da Vigilância Genômica.
- Identificar o conceito de saúde única e a importância do monitoramento genômico para caracterização e resposta às epidemias.

[Botão] Iniciar

[Fonte da imagem] Fonte: TarikVision, ID 362762289, Adobe Stock, 2023.

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Conteúdo Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica

Aplicada à Virologia – Página 1/3

Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

No campo da saúde, a vigilância está relacionada às práticas de atenção e promoção da saúde dos cidadãos e aos mecanismos adotados para prevenção de doenças.

Neste contexto, entende-se por **Vigilância em Saúde**:

"O processo contínuo e sistemático de coleta, consolidação, análise de dados e disseminação de informações sobre eventos relacionados à saúde, visando o planejamento e a implementação de medidas de saúde pública, incluindo a regulação, intervenção e atuação em condicionantes e determinantes da saúde, para a proteção e promoção da saúde da população, prevenção e controle de riscos, agravos e doenças". (Brasil, 2018 - Política Nacional de Vigilância em Saúde, Art. 2º - Parágrafo 1)

Assim, a Vigilância se distribui entre epidemiológica, ambiental, sanitária e saúde do trabalhador.

Segundo a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), instituída por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS), no seu Art. 6º, item XII, a **vigilância epidemiológica** é definida como um **conjunto de ações que proporcionam o conhecimento e a detecção de mudanças nos fatores determinantes e condicionantes da saúde individual e coletiva, com a finalidade de recomendar e adotar as medidas de prevenção e controle das doenças, transmissíveis e não-transmissíveis, e agravos à saúde**.

Para que a vigilância epidemiológica possa recomendar as ações de controle ela executa, várias funções, clique na imagem a seguir para conhecer as funções de destaque:

[Tópico] Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

No campo da saúde, a vigilância está relacionada às práticas de atenção e promoção da saúde dos cidadãos e aos mecanismos adotados para prevenção de doenças.

Neste contexto, entende-se por **Vigilância em Saúde**:

[Destaque] "O processo contínuo e sistemático de coleta, consolidação, análise de dados e disseminação de informações sobre eventos relacionados à saúde, visando o planejamento e a implementação de medidas de saúde pública, incluindo a regulação, intervenção e atuação em condicionantes e determinantes da saúde, para a proteção e promoção da saúde da população, prevenção e controle de riscos, agravos e doenças" (Brasil, 2018 – Política Nacional de Vigilância em Saúde, Art. 2º – Parágrafo 1).

Assim, a Vigilância se distribui entre epidemiológica, ambiental, sanitária e saúde do trabalhador.

Segundo a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), instituída por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS), no seu Art. 6º, item XII, a **vigilância epidemiológica** é definida como um conjunto de ações que proporcionam o **conhecimento e a detecção de mudanças nos fatores determinantes e condicionantes da saúde individual e coletiva, com a finalidade de recomendar e adotar as medidas de prevenção e controle das doenças, transmissíveis e não-transmissíveis, e agravos à saúde**.

Para que a vigilância epidemiológica possa recomendar as ações de controle ela executa, várias funções, clique na imagem a seguir para conhecer as funções de destaque:

[Imagem 1]

Diferentes faces da Vigilância Epidemiológica



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

No caso das doenças virais, a vigilância epidemiológica deve reconhecer a ocorrência daquelas doenças de notificação compulsória e investigar surtos que ocorram em territórios específicos. Além disso, deve agir rapidamente para identificar a mudança de padrões epidemiológicos com base no monitoramento sindrômico.

Diferentes apresentações dos dados traduzem taxas, frequências e tendências, importantes para a tomada de decisão



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Leitura Recomendada

[BRASIL \(2018\) – PDF – 1,1 MB](#)

Leitura Recomendada

[BRASIL \(2018\) – PDF – 2,1 MB](#)

Leitura Complementar

[FIOCRUZ \(2022\)](#)

No caso das doenças virais, a vigilância epidemiológica deve reconhecer a ocorrência daquelas doenças de notificação compulsória e investigar surtos que ocorram em territórios específicos. Além disso, deve agir rapidamente para identificar a mudança de padrões epidemiológicos com base no monitoramento sindrômico.

[Imagem 2]

Leitura Recomendada

[BRASIL \(2018\) – PDF – 1,1 MB](#)

Leitura Recomendada

[BRASIL \(2018\) – PDF – 2,1 MB](#)

Leitura Complementar

[FIOCRUZ \(2022\)](#)

Diferentes faces da Vigilância Epidemiológica



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

[Título] Diferentes faces da Vigilância Epidemiológica

Coleta e processamento de dados

Análise e interpretação dos dados processados

Divulgação das informações

Investigação epidemiológica de casos e surtos

Análise dos resultados obtidos

Planejamento de ações

Tomada de medidas em Saúde Pública

[Fonte] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Página 1/3 – Imagem 2

Diferentes apresentações dos dados traduzem taxas, frequências e tendências, importantes para a tomada de decisão



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

[Título] Diferentes apresentações dos dados traduzem taxas, frequências e tendências, importantes para a tomada de decisão

[Fonte] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Página 2/3

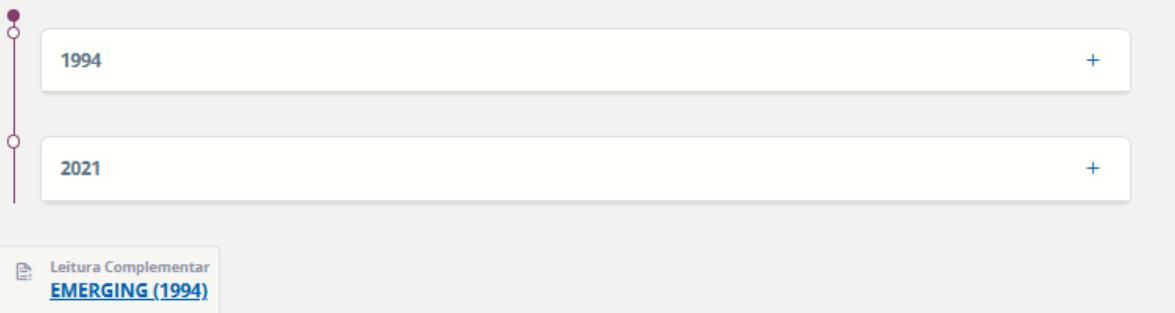
Conteúdo Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia – Página 2/3:

[Tópico] Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

A vigilância **virológica** constitui o braço laboratorial do sistema de vigilância, com o fechamento dos casos suspeitos a partir de evidências/exames laboratoriais. Os ensaios realizados permitem a identificação dos vírus associados à doença, confirmado ou não o caso inicialmente suspeito. A identificação do vírus (agente etiológico responsável pelo quadro clínico) é realizada através de ensaios laboratoriais específicos, seja pela detecção direta de componentes dos vírus (testes de antígeno ou testes moleculares como a PCR), ou pela presença de anticorpos específicos 1 (imunidade humoral).

A investigação específica dos patógenos virais permite melhor conhecer a epidemiologia da doença, como a distribuição das infecções virais específicas no tempo e espaço, status de proteção da população para esses agentes, identificação de grupos sob maior risco, necessidade de vacinação para as doenças imunopreveníveis, dentre outros aspectos relevantes. Cabe destacar que o cenário epidemiológico é dinâmico, em virtude desses e de outros fatores relacionados à biologia dos vírus, de modo que esse monitoramento é fundamental. Em conjunto, as informações epidemiológicas e laboratoriais fornecem melhores informações para a tomada de decisões pelos gestores de saúde, em todos os níveis, municipal, estadual, federal ou mesmo global (OMS).



A vigilância **virológica** constitui o braço laboratorial do sistema de vigilância, com o fechamento dos casos suspeitos a partir de evidências/exames laboratoriais. Os ensaios realizados permitem a identificação dos vírus associados à doença, confirmado ou não o caso inicialmente suspeito. A identificação do vírus (agente etiológico responsável pelo quadro clínico) é realizada através de ensaios laboratoriais específicos, seja pela detecção direta de componentes dos vírus (testes de antígeno ou testes moleculares como a PCR), ou pela presença de anticorpos específicos 1 (imunidade humoral).

A investigação específica dos patógenos virais permite melhor conhecer a epidemiologia da doença, como a distribuição das infecções virais específicas no tempo e espaço, status de proteção da população para esses agentes, identificação de grupos sob maior risco, necessidade de vacinação para as doenças imunopreveníveis, dentre outros aspectos relevantes. Cabe destacar que o cenário epidemiológico é dinâmico, em virtude desses e de outros fatores relacionados à biologia dos vírus, de modo que esse monitoramento é fundamental. Em conjunto, as informações epidemiológicas e laboratoriais fornecem melhores informações para a tomada de decisões pelos gestores de saúde, em todos os níveis, municipal, estadual, federal ou mesmo global (OMS).

[Sanfona] 1994

[Sanfona] 2021

Leitura Complementar
EMERGING (1994)

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Página 2/3 – Palavra de glossário

Conteúdo do tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia – Página 2/3 – Palavra de glossário:

Glossário

Anticorpos: Duas classes de imunoglobulinas são as mais usadas na rotina diagnóstica, IgM e IgG. No entanto, na maioria das

Glossário



Anticorpos: Duas classes de imunoglobulinas são as mais usadas na rotina diagnóstica, IgM e IgG. No entanto, na maioria das vezes é a IgM que terá de fato valor para o diagnóstico, visto que ela é a primeira a ser produzida frente à um patógeno. Além disso, permanece detectável por semanas ou no máximo meses, sendo portanto um marcador de contato recente. As IgG, por outro lado, podem permanecer detectáveis por anos, ou pela vida toda.

[Fechar \[X\]](#)

vezes é a IgM que terá de fato valor para o diagnóstico, visto que ela é a primeira a ser produzida frente à um patógeno. Além disso, permanece detectável por semanas ou no máximo meses, sendo portanto um marcador de contato recente. As IgG, por outro lado, podem permanecer detectáveis por anos, ou pela vida toda.

[Botão] Fechar [X]

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Página 2/3 – Palavra de glossário

Conteúdo do tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia – Página 2/3 – Palavra de glossário:

Glossário

Imunidade humoral: Trata-se da resposta imunológica mediada por macromoléculas como anticorpos, proteínas do sistema complemento e peptídeos antimicrobianos presentes em fluidos (humores) extracelulares (Fernando Motta, 2023).

Fonte: MOTTA, Fernando. Curso Vigilância Genômica Aplicada às

Glossário



Imunidade humoral: Trata-se da resposta imunológica mediada por macromoléculas como anticorpos, proteínas do sistema complemento e peptídeos antimicrobianos presentes em fluidos (humores) extracelulares (Fernando Motta, 2023).

Fonte: MOTTA, Fernando. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. *In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.* Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

[Fechar \[X\]](#)

Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. *In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.* Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

[Botão] Fechar [X]

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Página 2/3 – Sanfona

Conteúdo do tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia – Página 2/3 – Sanfona:

1994

Em 1994 a OMS realizou um encontro sobre doenças emergentes infecciosas onde foram estabelecidos alguns objetivos para o controle das doenças infecciosas, entre os quais constava o fortalecimento das infraestruturas e capacidades laboratoriais dos países.

2021

Em maio de 2021, durante a epidemia de COVID-19, a 74^a assembleia mundial de saúde promulgou a resolução 74.7 sobre o fortalecimento da OMS no preparo e resposta frente às

	<p>1994</p> <p>Em 1994 a OMS realizou um encontro sobre doenças emergentes infecciosas onde foram estabelecidos alguns objetivos para o controle das doenças infecciosas, entre os quais constava o fortalecimento das infraestruturas e capacidades laboratoriais dos países.</p>	<p>emergências de saúde. Esta resolução alertou todos os países membros da OMS sobre a necessidade de aumentar suas capacidades de detectar novas ameaças à saúde pública através da utilização de novas ferramentas laboratoriais, incluindo a vigilância genômica.</p>
	<p>2021</p> <p>Em maio de 2021, durante a epidemia de COVID-19, a 74ª assembleia mundial de saúde promulgou a resolução 74.7 sobre o fortalecimento da OMS no preparo e resposta frente às emergências de saúde. Esta resolução alertou todos os países membros da OMS sobre a necessidade de aumentar suas capacidades de detectar novas ameaças à saúde pública através da utilização de novas ferramentas laboratoriais, incluindo a vigilância genômica.</p>	
	<p>Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica</p> <p>Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia</p> <p>Página 3/3 – Avaliação formativa 1</p>	<p>Conteúdo do Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia – Página 3/3 – Avaliação formativa 1:</p> <p>Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia</p> <p>Avaliação Formativa 1</p> <p>[Mensagem] Você não concluiu esta tarefa</p> <p>Considerando que Vigilância em Saúde é essencial para identificar surtos e epidemias, monitorar a saúde da população, direcionar ações de prevenção e controle de doenças, avaliar a eficácia das medidas adotadas e tomar decisões baseadas em evidência, julgue as alternativas, a seguir, com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para falsa.</p> <p>[Opção] ESCOLHA</p> <p>A Vigilância Virológica é uma estratégia que permite a identificação dos vírus associados à doença por meio de evidências/exames laboratoriais, confirmado ou não o caso inicialmente suspeito.</p> <p>[Opção] ESCOLHA</p>

Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Avaliação Formativa 1

Você não concluiu esta tarefa

Considerando que Vigilância em Saúde é essencial para identificar surtos e epidemias, monitorar a saúde da população, direcionar ações de prevenção e controle de doenças, avaliar a eficácia das medidas adotadas e tomar decisões baseadas em evidência, julgue as alternativas, a seguir, com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para falsa.

Escolha

A Vigilância Virológica é uma estratégia que permite a identificação dos vírus associados à doença por meio de evidências/exames laboratoriais, confirmando ou não o caso inicialmente suspeito.

Escolha

A Vigilância Epidemiológica é importante para identificar padrões e tendências de doenças na população, no entanto, dificilmente contribuirá para informar ações de saúde pública para prevenir e controlar surtos e epidemias.

Escolha

A Vigilância em Saúde é uma atividade exclusiva do governo, que tem a responsabilidade de coletar e analisar dados sobre a saúde da população e tomar medidas para prevenir e controlar doenças.

Escolha

A Vigilância Epidemiológica é o conjunto de ações que visam a detecção, prevenção e controle de doenças e agravos à saúde, por meio da coleta e análise de dados sobre sua incidência e distribuição no tempo e no espaço.

Escolha

A Vigilância em Saúde abrange todos os aspectos relacionados à saúde da população, desde a prevenção até o tratamento de doenças, incluindo a promoção da saúde e a vigilância sanitária.

Responder

A Vigilância Epidemiológica é importante para identificar padrões e tendências de doenças na população, no entanto, dificilmente contribuirá para informar ações de saúde pública para prevenir e controlar surtos e epidemias.

[Opção] ESCOLHA

A Vigilância em Saúde é uma atividade exclusiva do governo, que tem a responsabilidade de coletar e analisar dados sobre a saúde da população e tomar medidas para prevenir e controlar doenças.

[Opção] ESCOLHA

A Vigilância Epidemiológica é o conjunto de ações que visam a detecção, prevenção e controle de doenças e agravos à saúde, por meio da coleta e análise de dados sobre sua incidência e distribuição no tempo e no espaço.

[Opção] ESCOLHA

A Vigilância em Saúde abrange todos os aspectos relacionados à saúde da população, desde a prevenção até o tratamento de doenças, incluindo a promoção da saúde e a vigilância sanitária.

[Botão] Responder

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Página 3/3 – Avaliação formativa 1 – Feedbacks corretos:

Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Avaliação Formativa 1

Você concluiu esta tarefa

Considerando que Vigilância em Saúde é essencial para identificar surtos e epidemias, monitorar a saúde da população, direcionar ações de prevenção e controle de doenças, avaliar a eficácia das medidas adotadas e tomar decisões baseadas em evidência, julgue as alternativas, a seguir, com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para falsa.

V

A Vigilância Viroológica é uma estratégia que permite a identificação dos vírus associados à doença por meio de evidências/exames laboratoriais, confirmando ou não o caso inicialmente suspeito.

Alternativa correta

A vigilância viroológica é uma estratégia específica para a detecção e monitoramento de doenças causadas por vírus, para prevenir epidemias e surtos, e fornecer informações para ações de controle e prevenção dessas doenças.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. *Política Nacional de Vigilância em Saúde*. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pg-br/assuntos/saude-de-a-a-z/p/politica-nacional-de-vigilancia-em-saude#:~:text=Entende%2Dse%20por%20vigi%C3%A2ncia%20em,e%20atua%C3%A7%C3%A7%C3%A3o%20em%20condicionantes%20e>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Conteúdo do Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia – Página 3/3 – Avaliação formativa 1 – Feedbacks corretos:

Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Avaliação Formativa 1

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa!

Alternativa correta

A vigilância viroológica é uma estratégia específica para a detecção e monitoramento de doenças causadas por vírus, para prevenir epidemias e surtos, e fornecer informações para ações de controle e prevenção dessas doenças.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. *Política Nacional de Vigilância em Saúde*. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://surl.li/nqcyfn>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa correta

A Vigilância Epidemiológica é importante tanto para identificar padrões e tendências de doenças na população, quanto para informar ações de saúde pública para prevenir e controlar surtos e epidemias.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. *Política Nacional de Vigilância em Saúde*. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://surl.li/nqcyfn>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa correta

A Vigilância em Saúde não é uma atividade exclusiva do governo.

F

A Vigilância Epidemiológica é importante para identificar padrões e tendências de doenças na população, no entanto, dificilmente contribuirá para informar ações de saúde pública para prevenir e controlar surtos e epidemias.

Alternativa correta

A Vigilância Epidemiológica é importante tanto para identificar padrões e tendências de doenças na população, quanto para informar ações de saúde pública para prevenir e controlar surtos e epidemias.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/o/politica-nacional-de-vigilancia-em-saude#:~:text=Entende%2Dse%20por%20Vigil%C3%A2ncia%20em,e%20atua%C3%A7%C3%A3o%20em%20condicionantes%20e>. Acesso em: 1 fev. 2023.

F

A Vigilância em Saúde é uma atividade exclusiva do governo, que tem a responsabilidade de coletar e analisar dados sobre a saúde da população e tomar medidas para prevenir e controlar doenças.

Alternativa correta

A Vigilância em Saúde não é uma atividade exclusiva do governo.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/o/politica-nacional-de-vigilancia-em-saude#:~:text=Entende%2Dse%20por%20Vigil%C3%A2ncia%20em,e%20atua%C3%A7%C3%A3o%20em%20condicionantes%20e>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://surl.li/nqcyfn>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa correta

A Vigilância Epidemiológica é definida como um conjunto de ações que proporcionam o conhecimento e a detecção de mudanças nos fatores determinantes e condicionantes da saúde individual e coletiva, com a finalidade de recomendar e adotar as medidas de prevenção e controle das doenças, transmissíveis e não transmissíveis, e agravos à saúde.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://surl.li/nqcyfn>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa correta

Segundo a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), Vigilância em Saúde pode ser compreendida como um "processo contínuo e sistemático que visa o planejamento e a implementação de medidas de saúde pública, incluindo a regulação, intervenção e atuação em condicionantes e determinantes da saúde, para a proteção e promoção da saúde da população, prevenção e controle de riscos, agravos e doenças", abrangendo assim todos os aspectos relacionados à saúde da população.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://surl.li/nqcyfn>. Acesso em: 1 fev. 2023.

V

A Vigilância Epidemiológica é o conjunto de ações que visam a detecção, prevenção e controle de doenças e agravos à saúde, por meio da coleta e análise de dados sobre sua incidência e distribuição no tempo e no espaço.

Alternativa correta

A Vigilância Epidemiológica é definida como um conjunto de ações que proporcionam o conhecimento e a detecção de mudanças nos fatores determinantes e condicionantes da saúde individual e coletiva, com a finalidade de recomendar e adotar as medidas de prevenção e controle das doenças, transmissíveis e não-transmissíveis, e agravos à saúde.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. **Política Nacional de Vigilância em Saúde**. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/po-br/assuntos/saude-de-a-a-z/p/politica-nacional-de-vigilancia-em-saude#:~:text=Entende%2Dse%20por%20Vigil%C3%A2ncia%20em,e%20atua%C3%A7%C3%A3o%20em%20condicionantes%20e>. Acesso em: 1 fev. 2023.

V

A Vigilância em Saúde abrange todos os aspectos relacionados à saúde da população, desde a prevenção até o tratamento de doenças, incluindo a promoção da saúde e a vigilância sanitária.

Alternativa correta

Segundo a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), Vigilância em Saúde pode ser compreendida como um "processo contínuo e sistemático que visa o planejamento e a implementação de medidas de saúde pública, incluindo a regulação, intervenção e atuação em condicionantes e determinantes da saúde, para a proteção e promoção da saúde da população, prevenção e controle de riscos, agravos e doenças", abrangendo assim todos os aspectos relacionados à saúde da população.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. **Política Nacional de Vigilância em Saúde**. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/po-br/assuntos/saude-de-a-a-z/p/politica-nacional-de-vigilancia-em-saude#:~:text=Entende%2Dse%20por%20Vigil%C3%A2ncia%20em,e%20atua%C3%A7%C3%A3o%20em%20condicionantes%20e>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Parabéns você acertou essa questão!

[Mensagem] Parabéns você acertou essa questão!

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica
Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia
Página 3/3 – Avaliação formativa 1 – Feedbacks incorretos:

Conteúdo do Tópico: Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia – Página 3/3 – Avaliação formativa 1 – Feedbacks incorretos:

Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Conceitos de Vigilância Epidemiológica Aplicada à Virologia

Avaliação Formativa 1

Você concluiu esta tarefa

Considerando que Vigilância em Saúde é essencial para identificar surtos e epidemias, monitorar a saúde da população, direcionar ações de prevenção e controle de doenças, avaliar a eficácia das medidas adotadas e tomar decisões baseadas em evidência, julgue as alternativas, a seguir, com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para falsa.

F

A Vigilância Virológica é uma estratégia que permite a identificação dos vírus associados à doença por meio de evidências/exames laboratoriais, confirmando ou não o caso inicialmente suspeito.

Alternativa incorreta

A vigilância virológica é uma estratégia específica para a detecção e monitoramento de doenças causadas por vírus, para prevenir epidemias e surtos, e fornecer informações para ações de controle e prevenção dessas doenças.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <https://www.gov.br/sau/de/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/p/politica-nacional-de-vigilancia-em-saude#:~:text=Entende%2Dse%20por%20Vigi%C3%A2ncia%20em,e%20atua%C3%A7%C3%A3o%20em%20condicionantes%20e>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Avaliação Formativa 1

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Alternativa incorreta

A vigilância virológica é uma estratégia específica para a detecção e monitoramento de doenças causadas por vírus, para prevenir epidemias e surtos, e fornecer informações para ações de controle e prevenção dessas doenças.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://surl.li/vhceqo>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa incorreta

Segundo a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), Vigilância em Saúde pode ser compreendida como um "processo contínuo e sistemático que visa o planejamento e a implementação de medidas de saúde pública, incluindo a regulação, intervenção e atuação em condicionantes e determinantes da saúde, para a proteção e promoção da saúde da população, prevenção e controle de riscos, agravos e doenças", abrangendo assim todos os aspectos relacionados à saúde da população.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://surl.li/vhceqo>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa incorreta

A Vigilância Epidemiológica é definida como um conjunto de ações que proporcionam o conhecimento e a detecção de mudanças nos fatores determinantes e condicionantes da saúde individual e coletiva, com a finalidade de recomendar e adotar as

F

A Vigilância em Saúde abrange todos os aspectos relacionados à saúde da população, desde a prevenção até o tratamento de doenças, incluindo a promoção da saúde e a vigilância sanitária.

Alternativa incorreta

Segundo a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), Vigilância em Saúde pode ser compreendida como um "processo contínuo e sistemático que visa o planejamento e a implementação de medidas de saúde pública, incluindo a regulação, intervenção e atuação em condicionantes e determinantes da saúde, para a proteção e promoção da saúde da população, prevenção e controle de riscos, agravos e doenças", abrangendo assim todos os aspectos relacionados à saúde da população.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <https://www.gov.br/saudede/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/o/politica-nacional-de-vigilancia-em-saude#:~:text=Entende%2Dse%20por%20Vigi%C3%A2ncia%20em,e%20atua%C3%A7%C3%A3o%20em%20condicionantes%20e>. Acesso em: 1 fev. 2023.

F

A Vigilância Epidemiológica é o conjunto de ações que visam a detecção, prevenção e controle de doenças e agravos à saúde, por meio da coleta e análise de dados sobre sua incidência e distribuição no tempo e no espaço.

Alternativa incorreta

A Vigilância Epidemiológica é definida como um conjunto de ações que proporcionam o conhecimento e a detecção de mudanças nos fatores determinantes e condicionantes da saúde individual e coletiva, com a finalidade de recomendar e adotar as medidas de prevenção e controle das doenças, transmissíveis e não-transmissíveis, e agravos à saúde.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <https://www.gov.br/saudede/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/o/politica-nacional-de-vigilancia-em-saude#:~:text=Entende%2Dse%20por%20Vigi%C3%A2ncia%20em,e%20atua%C3%A7%C3%A3o%20em%20condicionantes%20e>. Acesso em: 1 fev. 2023.

medidas de prevenção e controle das doenças, transmissíveis e não transmissíveis, e agravos à saúde.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://surl.li/vhceqo>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa incorreta

A Vigilância em Saúde não é uma atividade exclusiva do governo.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://surl.li/vhceqo>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa incorreta

A Vigilância Epidemiológica é importante tanto para identificar padrões e tendências de doenças na população, quanto para informar ações de saúde pública para prevenir e controlar surtos e epidemias.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://surl.li/vhceqo>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Botão] Tentar novamente. Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

V

A Vigilância em Saúde é uma atividade exclusiva do governo, que tem a responsabilidade de coletar e analisar dados sobre a saúde da população e tomar medidas para prevenir e controlar doenças.

Alternativa incorreta

A Vigilância em Saúde não é uma atividade exclusiva do governo.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/o/politica-nacional-de-vigilancia-em-saude#:~:text=Entende%2Dse%20por%20Vigil%C3%A2ncia%20em,e%20atua%C3%A7%C3%A3o%20em%20condicionantes%20e>. Acesso em: 1 fev. 2023.

V

A Vigilância Epidemiológica é importante para identificar padrões e tendências de doenças na população, no entanto, dificilmente contribuirá para informar ações de saúde pública para prevenir e controlar surtos e epidemias.

Alternativa incorreta

A Vigilância Epidemiológica é importante tanto para identificar padrões e tendências de doenças na população, quanto para informar ações de saúde pública para prevenir e controlar surtos e epidemias.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Política Nacional de Vigilância em Saúde. Em 12 de junho de 2018 foi instituída a Política Nacional de Vigilância em Saúde (PNVS), por meio da Resolução nº 588/2018 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). Ministério da Saúde: Brasília/DF, 2018. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/o/politica-nacional-de-vigilancia-em-saude#:~:text=Entende%2Dse%20por%20Vigil%C3%A2ncia%20em,e%20atua%C3%A7%C3%A3o%20em%20condicionantes%20e>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 1/6

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 1/6:

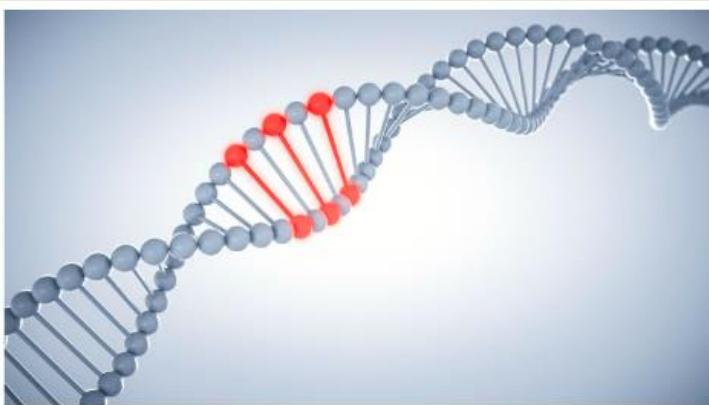
Etapas para a condução da Vigilância Genômica

A **Vigilância Genômica (VG)** pode ser compreendida como uma ferramenta que utiliza as informações do genoma de um patógeno para o seu próprio rastreio. Esse termo serve para qualquer patógeno, seja um vírus, uma bactéria, um fungo ou um parasita.

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

A **Vigilância Genômica (VG)** pode ser compreendida como uma ferramenta que utiliza as informações do genoma de um patógeno para o seu próprio rastreio. Esse termo serve para qualquer patógeno, seja um vírus, uma bactéria, um fungo ou um parasita.

Portanto, o conceito da vigilância genômica está diretamente relacionado à evolução. Ou seja, à medida que um vírus infecta novos hospedeiros - e estes produzem mais partículas virais - podem ocorrer erros na replicação de novas cópias do material genético do vírus. Esses erros, ou mutações, na grande maioria das vezes não tem consequências diretas para os vírus, mas geram uma "assinatura genética" daquela linhagem viral.



Fonte: imaginuma, ID 199535117, Adobe Stock, 2023.

Todavia, essas mudanças no genoma também podem levar à alterações fenotípicas, impactando em como esses vírus se comportam frente aos hospedeiros.

Podemos citar como exemplo as mutações observadas na proteína Spike do SARS-CoV-2 ao longo da pandemia de COVID-19, as quais fizeram com que as gerações subsequentes fossem cada vez mais aptas a se ligar na proteína de superfície das células que o vírus utiliza como receptor.

Outro importante exemplo na COVID-19 foi ver como o vírus acumulou mutações para utilizar vias alternativas de infecção ou de escape da resposta imune, em especial da chamada resposta humorada, por conta de uma pressão seletiva exercida pelo status imunológico populacional, no decorrer da pandemia.

 Leitura Complementar
[ALBERTS et al. \(2004\)](#)

Portanto, o conceito da vigilância genômica está diretamente relacionado à evolução. Ou seja, à medida que um vírus infecta novos hospedeiros – e estes produzem mais partículas virais – podem ocorrer erros na replicação de novas cópias do material genético do vírus. Esses erros, ou mutações, na grande maioria das vezes não tem consequências diretas para os vírus, mas geram uma "assinatura genética" daquela linhagem viral.

[**Imagen**]

[**Fonte**] Fonte: imaginuma, ID 199535117, Adobe Stock, 2023.

Todavia, essas mudanças no genoma também podem levar à alterações fenotípicas, impactando em como esses vírus se comportam frente aos hospedeiros.

Podemos citar como exemplo as mutações observadas na proteína Spike do SARS-CoV-2 ao longo da pandemia de COVID-19, as quais fizeram com que as gerações subsequentes fossem cada vez mais aptas a se ligar na proteína de superfície das células que o vírus utiliza como receptor.

Outro importante exemplo na COVID-19 foi ver como o vírus acumulou mutações para utilizar vias alternativas de infecção ou de escape da resposta imune, em especial da chamada resposta humorada, por conta de uma pressão seletiva exercida pelo status imunológico populacional, no decorrer da pandemia.

Leitura Complementar

[ALBERTS et al. \(2004\)](#)

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 1/6 – Palavras de Glossário

Glossário



Mutação: Se refere a uma mudança única no genoma de um vírus, elas acontecem frequentemente, em especial nos vírus RNA, mas somente em alguns casos mudam as suas características.

Fonte: CDC. *Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades*. Mutación. [S.I.], 2022. Disponível em: <https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/genomic-surveillance.html>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Fechar \[X\]](#)

Glossário



Assinatura genética: Se refere à um conjunto de mutações que são encontradas em um grupo de vírus, essas mutações não necessariamente afetam as características do vírus, mas podem ser utilizadas para o seu rastreio.

[Fechar \[X\]](#)

Glossário



Fenótipo: Refere-se às propriedades físicas de um organismo que incluem a aparência, o desenvolvimento e o comportamento. O fenótipo de um organismo é determinado pelo seu genótipo, bem como pelas influências ambientais sobre esses genes.

Fonte: NATURE Education. Fenótipo. [S.I.], [2022?]. Disponível em: <https://www.nature.com/scitable/definition/phenotype-phenotypes-35/>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Fechar \[X\]](#)

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 1/6 – Palavras de Glossário

Glossário

Mutação: Se refere a uma mudança única no genoma de um vírus, elas acontecem frequentemente, em especial nos vírus RNA, mas somente em alguns casos mudam as suas características.

Fonte: CDC. *Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades*. Mutación. [S.I.], 2022. Disponível em: <https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/genomic-surveillance.html>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Fechar \[X\]](#)

Assinatura genética: Se refere à um conjunto de mutações que são encontradas em um grupo de vírus, essas mutações não necessariamente afetam as características do vírus, mas podem ser utilizadas para o seu rastreio.

[Fechar \[X\]](#)

Fenótipo: Refere-se às propriedades físicas de um organismo que incluem a aparência, o desenvolvimento e o comportamento. O fenótipo de um organismo é determinado pelo seu genótipo, bem como pelas influências ambientais sobre esses genes.

Fonte: NATURE Education. Fenótipo. [S.I.], [2022?]. Disponível em: <https://www.nature.com/scitable/definition/phenotype-phenotypes-35/>.

Acesso em: 1 fev. 2023.

[Fechar \[X\]](#)

Glossário

Pressão seletiva: É um conjunto de condições ambientais que leva ao favorecimento de indivíduos com um determinado

	<p>Glossário</p> <p>Pressão seletiva: É um conjunto de condições ambientais que leva ao favorecimento de indivíduos com um determinado genótipo. No caso dos vírus pode ser a seleção causada por um conjunto de anticorpos que neutralizam parte das partículas, fazendo com que as mais aptas, ou as que escapam, da seleção permaneçam e deem origem a descendentes.</p> <p>Fontes:</p> <p>DAVID, Rachel. Pressão Seletiva. <i>Nature Reviews Imunologia</i>, [S.I.], v. 9, n. 459, 2009. Disponível em: https://www.nature.com/articles/nri2595. Acesso em: 1 fev. 2023.</p> <p>DURET, Laurent. Teoria Neutra: A Hipótese Nula da Evolução Molecular. <i>Nature Education</i>, França, v. 1, n. 1, p. 218, 2008. Disponível em: https://www.nature.com/scitable/topicpage/neutral-theory-the-null-hypothesis-of-molecular-839/. Acesso em: 1 fev. 2023.</p>	<p>X</p>	<p>genótipo. No caso dos vírus pode ser a seleção causada por um conjunto de anticorpos que neutralizam parte das partículas, fazendo com que as mais aptas, ou as que escapam, da seleção permaneçam e deem origem a descendentes.</p> <p>Fontes:</p> <p>DAVID, Rachel. Pressão Seletiva. <i>Nature Reviews Imunologia</i>, [S.I.], v. 9, n. 459, 2009. Disponível em: https://www.nature.com/articles/nri2595. Acesso em: 1 fev. 2023.</p> <p>DURET, Laurent. Teoria Neutra: A Hipótese Nula da Evolução Molecular. <i>Nature Education</i>, França, v. 1, n. 1, p. 218, 2008. Disponível em: http://surl.li/vhceqo. Acesso em: 1 fev. 2023.</p> <p>Fechar [X]</p>
	<p>Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica</p> <p>Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica</p> <p>Página 2/6 – Suporte teórico</p>	<p>Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 2/6 – Suporte teórico:</p> <p>Etapas para a condução da Vigilância Genômica</p> <p>Suporte Teórico</p> <p>Ao longo do conteúdo você terá acesso aos exemplos que evidenciam descobertas obtidas em menos de dois anos após a identificação do SARS-CoV-2 — que se deu por abordagem metagenômica shotgun, comprovadas cientificamente por experimentos que demonstraram que a mutação X, levava a consequência Y.</p> <p>Ou seja, nesse caso, ao encontrarmos novos vírus e analisarmos o seu genoma, se nos deparamos com as mesmas mutações, podemos estimar, com elevado grau de certeza, que as propriedades fenotípicas serão as mesmas, e assim, juntando um elevado número de genomas virais sequenciados e analisados, com as informações a respeito dos casos, uma base de dados</p>	

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Suporte Teórico

Ao longo do conteúdo você terá acesso aos exemplos que evidenciam descobertas obtidas em menos de dois anos após a identificação do SARS-CoV-2 — que se deu por abordagem [metagenômica shotgun](#), comprovadas cientificamente por experimentos que demonstraram que a mutação X, levava a consequência Y.

Ou seja, nesse caso, ao encontrarmos novos vírus e analisarmos o seu genoma, se nos deparamos com as mesmas mutações, podemos estimar, com elevado grau de certeza, que as propriedades fenotípicas serão as mesmas, e assim, juntando um elevado número de genomas virais sequenciados e analisados, com as informações a respeito dos casos, uma base de dados será construída em que as assinaturas genéticas dos vírus poderão ser usadas para melhor compreendermos os fenômenos biológicos envolvidos na complexa interação patógeno-hospedeiro.

! As assinaturas genéticas no genoma viral nos permitem traçar o caminho que um vírus percorreu, saindo de um país para o outro, de uma cidade para a outra, de um paciente para o outro - ou mesmo de um animal para o ser humano. Os vírus descendentes sempre terão a maior parte da informação genética do seu ancestral mais próximo, em somatório às mutações acumuladas no processo replicativo mais recente.

Neste sentido, comprehende-se que a vigilância genômica dos vírus, em especial daqueles de genoma [RNA](#), é uma ferramenta essencial para ampliar nossos conhecimentos a respeito da dinâmica de disseminação desses importantes patógenos humanos e animais, além de nos ajudar no direcionamento de estratégias mais efetivas para o controle de surtos e epidemias.

O avanço tecnológico, com o advento do chamado sequenciamento genético de Nova Geração ou NGS (*Next-Generation Sequencing*), tornou factível a ideia de uma vigilância genômica viral em (quase) tempo real. Sem dúvida, houve um salto extraordinário na capacidade de geração de dados genéticos, não só pela maior capacidade dos novos equipamentos, mas também pela diminuição dos custos da geração desses dados, quando comparamos ao custo de se obter o genoma de um vírus há apenas alguns anos atrás.

Novamente a pandemia da COVID-19 é um divisor de águas, onde em pouco mais de 2 anos e meio, mais de 12 milhões de genomas virais foram sequenciados e disponibilizados em bancos de dados públicos.

Conheça esse banco de dados, acesse o site: <https://gisaid.org>

Banco de dados do GISAID, Iniciativa Global de Compartilhamento de Dados da Influenza Aviária



Fonte: GISAID: Banco de dados do GISAID. [S.I.], 2022. Disponível em: <https://gisaid.org/hmpxv-phylogeny/>. Acesso em: 23 dez. 2022.

Uma maneira muito utilizada para representar a relação entre os genomas de vírus (ou mesmo de outro patógeno) é a chamada árvore filogenética. Essa representação gráfica nos permite observar as relações de "parentesco" entre os genomas virais, os que estão mais relacionados entre si, uma vez que esses vírus compartilham um mesmo ancestral comum.

será construída em que as assinaturas genéticas dos vírus poderão ser usadas para melhor compreendermos os fenômenos biológicos envolvidos na complexa interação patógeno-hospedeiro.

[Destaque] As assinaturas genéticas no genoma viral nos permitem traçar o caminho que um vírus percorreu, saindo de um país para o outro, de uma cidade para a outra, de um paciente para o outro – ou mesmo de um animal para o ser humano. Os vírus descendentes sempre terão a maior parte da informação genética do seu ancestral mais próximo, em somatório às mutações acumuladas no processo replicativo mais recente.

Neste sentido, comprehende-se que a vigilância genômica dos vírus, em especial daqueles de genoma [RNA](#), é uma ferramenta essencial para ampliar nossos conhecimentos a respeito da dinâmica de disseminação desses importantes patógenos humanos e animais, além de nos ajudar no direcionamento de estratégias mais efetivas para o controle de surtos e epidemias.

O avanço tecnológico, com o advento do chamado sequenciamento genético de Nova Geração ou NGS (*Next-Generation Sequencing*), tornou factível a ideia de uma vigilância genômica viral em (quase) tempo real. Sem dúvida, houve um salto extraordinário na capacidade de geração de dados genéticos, não só pela maior capacidade dos novos equipamentos, mas também pela diminuição dos custos da geração desses dados, quando comparamos ao custo de se obter o genoma de um vírus há apenas alguns anos atrás.

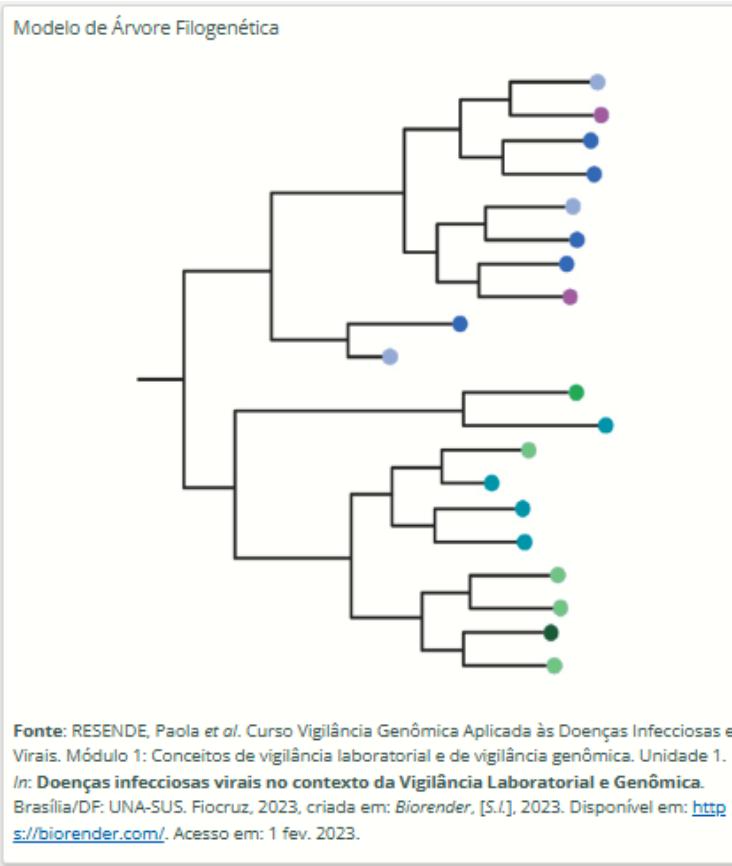
Novamente a pandemia da COVID-19 é um divisor de águas, onde em pouco mais de 2 anos e meio, mais de 12 milhões de genomas virais foram sequenciados e disponibilizados em bancos de dados públicos.

Conheça esse banco de dados, acesse o site: <https://gisaid.org>

[Título da imagem 1] Banco de dados do GISAID, Iniciativa Global de Compartilhamento de Dados da Influenza Aviária

Dessa forma, as árvores filogenéticas mostram como os vírus estão individualmente "relacionados" uns com os outros. Cada sequência de um vírus tem seu próprio ramo na árvore. Os vírus são agrupados comparando as mudanças nos nucleotídeos na mesma posição do genoma. Onde os ramos se encontram, esses "nós" representam o ancestral comum dos vírus e indicam que os vírus compartilham sequências genéticas semelhantes. Vírus que compartilham um ancestral comum também podem ser descritos como pertencentes ao mesmo clado (grupo de sequências ligadas por um ancestral comum ou nó, na arvore filogenética). O grau de diferença genética (número de diferenças de nucleotídeos entre uma sequência e outra) é representada pelo comprimento das linhas horizontais (ramos) na árvore filogenética. Quanto mais distantes os vírus estiverem no eixo horizontal de uma árvore filogenética, mais geneticamente diferentes os vírus serão entre si.

Agora, imagine a importância desse tipo de análise quando conseguimos, além das informações genéticas obtidas no sequenciamento, informações adicionais de cada caso como a data de coleta da amostra, local de coleta, idade, sexo, informações clínicas e epidemiológicas detalhadas – como, por exemplo, se era um caso grave e o respectivo desfecho clínico ou o status vacinal (no caso das doença imunopreviníveis).



[Fonte da imagem 1] **Fonte:** GISAID: Banco de dados do GISAID. [S.I.], 2022. Disponível em: <https://gisaid.org/hmpxv-phylogeny/>. Acesso em: 23 dez. 2022.

Uma maneira muito utilizada para representar a relação entre os genomas de vírus (ou mesmo de outro patógeno) é a chamada árvore filogenética. Essa representação gráfica nos permite observar as relações de "parentesco" entre os genomas virais, os que estão mais relacionados entre si, uma vez que esses vírus compartilham um mesmo ancestral comum.

Dessa forma, as árvores filogenéticas mostram como os vírus estão individualmente "relacionados" uns com os outros. Cada sequência de um vírus tem seu próprio ramo na árvore. Os vírus são agrupados comparando as mudanças nos nucleotídeos na mesma posição do genoma. Onde os ramos se encontram, esses "nós" representam o ancestral comum dos vírus e indicam que os vírus compartilham sequências genéticas semelhantes. Vírus que compartilham um ancestral comum também podem ser descritos como pertencentes ao mesmo clado (grupo de sequências ligadas por um ancestral comum ou nó, na arvore filogenética). O grau de diferença genética (número de diferenças de nucleotídeos entre uma sequência e outra) é representada pelo comprimento das linhas horizontais (ramos) na árvore filogenética. Quanto mais distantes os vírus estiverem no eixo horizontal de uma árvore filogenética, mais geneticamente diferentes os vírus serão entre si.

Agora, imagine a importância desse tipo de análise quando conseguimos, além das informações genéticas obtidas no sequenciamento, informações adicionais de cada caso como a data de coleta da amostra, local de coleta, idade, sexo, informações clínicas e epidemiológicas detalhadas – como, por exemplo, se era um caso grave e o respectivo desfecho clínico ou o status vacinal (no caso das doença imunopreviníveis).

[Título da imagem 2] Modelo de Árvore Filogenética

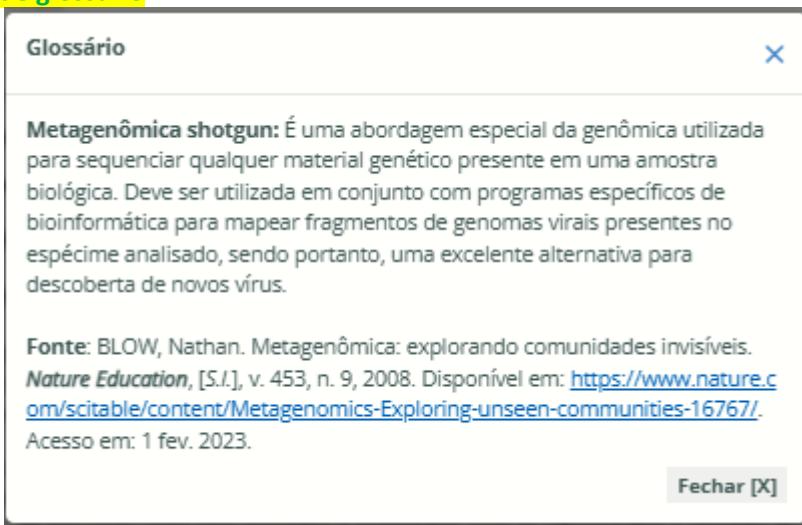
[Fonte da imagem 2] Fonte: RESENDE, Paola *et al.* Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas vírais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, criada em: *Biorender*, [S.I.], 2023. Disponível em: <https://biorender.com/>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Leitura Complementar
[**LOPES; HO \(2007\)**](#)

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 2/6 – Palavras de glossário



Metagenômica shotgun: É uma abordagem especial da genômica utilizada para sequenciar qualquer material genético presente em uma amostra biológica. Deve ser utilizada em conjunto com programas específicos de bioinformática para mapear fragmentos de genomas vírais presentes no espécime analisado, sendo portanto, uma excelente alternativa para descoberta de novos vírus.

Fonte: BLOW, Nathan. Metagenômica: explorando comunidades invisíveis. *Nature Education*, [S.I.], v. 453, n. 9, 2008. Disponível em: <https://www.nature.com/scitable/content/Metagenomics-Exploring-unseen-communities-16767/>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 2/6 – Palavras de glossário:

Glossário

Metagenômica shotgun: É uma abordagem especial da genômica utilizada para sequenciar qualquer material genético presente em uma amostra biológica. Deve ser utilizada em conjunto com programas específicos de bioinformática para mapear fragmentos de genomas vírais presentes no espécime analisado, sendo portanto, uma excelente alternativa para descoberta de novos vírus.

Fonte: BLOW, Nathan. Metagenômica: explorando comunidades invisíveis. *Nature Education*, [S.I.], v. 453, n. 9, 2008.

Disponível em: <https://www.nature.com/scitable/content/Metagenomics-Exploring-unseen-communities-16767/>.

Acesso em: 1 fev. 2023.

Fechar [X]

Glossário

RNA: Os vírus que possuem como genoma ácidos ribonucleicos (RNA) tem esse material replicado por enzimas virais chamadas RNA-dependente RNA-polimerases, as quais, em sua grande maioria, são enzimas desprovidas de atividade de correção. Ou seja, durante a síntese de novas moléculas de RNA viral, caso ocorra a incorporação de um nucleotídeo errado, a enzima não poderá corrigir. Assim, os vírus de genoma RNA acumulam muito mais mutações ao longo do seu processo evolutivo, em comparação aos vírus de genoma DNA.

Fontes:

VIRALZONE. Evolução do genoma viral. [2022?]. Disponível

Glossário



RNA: Os vírus que possuem como genoma ácidos ribonucleicos (RNA) tem esse material replicado por enzimas virais chamadas RNA-dependente RNA-polimerases, as quais, em sua grande maioria, são enzimas desprovidas de atividade de correção. Ou seja, durante a síntese de novas moléculas de RNA viral, caso ocorra a incorporação de um nucleotídeo errado, a enzima não poderá corrigir. Assim, os vírus de genoma RNA acumulam muito mais mutações ao longo do seu processo evolutivo, em comparação aos vírus de genoma DNA.

Fontes:

VIRALZONE. Evolução do genoma viral. [2022?]. Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/4136>. Acesso em: 1 fev. 2023.

DUFFY, Siobain Duffy; SHACKELTON, Laura A.; HOLMES, Edward C. Taxas de mudança evolutiva em vírus: padrões e determinantes. *Nature Reviews Genética*, [S.l.], v. 9, p. 267-276, 2008. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/nrg2323>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Fechar \[X\]](#)

em: <https://viralzone.expasy.org/4136>. Acesso em: 1 fev. 2023.

DUFFY, Siobain Duffy; SHACKELTON, Laura A.; HOLMES, Edward C. Taxas de mudança evolutiva em vírus: padrões e determinantes. *Nature Reviews Genética*, [S.l.], v. 9, p. 267-276, 2008. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/nrg2323>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Fechar \[X\]](#)

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 3/6

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Uma Vigilância Genômica eficiente deve obter, além de genomas virais de alta qualidade, informações a respeito de cada amostra coletada, as quais devem incluir minimamente:



Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 3/6:

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Uma Vigilância Genômica eficiente deve obter, além de genomas virais de alta qualidade, informações a respeito de cada amostra coletada, as quais devem incluir minimamente:

[Imagem 1]

Também é aconselhável a coleta das seguintes informações:

- histórico de viagens;
- local suspeito de infecção;
- sintomas clínicos e desfecho do caso;
- idade do paciente;
- sexo do paciente;
- ocupação do paciente.

Também é aconselhável a coleta das seguintes informações:

- histórico de viagens;
- local suspeito de infecção;
- sintomas clínicos e desfecho do caso;
- idade do paciente;
- sexo do paciente;
- ocupação do paciente.

Quanto melhor e mais completa for a coleta dessas informações demográficas e epidemiológicas (também chamadas de metadados) para juntarmos à análise filogenética, maior será a certeza se um determinado novo patógeno ou uma nova linhagem do vírus, é um risco para sociedade, seja porque é mais infecciosa; porque resiste à terapia antiviral (quando esse existe) ou porque escapa da proteção das vacinas.

Quanto melhor e mais completa for a coleta dessas informações demográficas e epidemiológicas (também chamadas de metadados) para juntarmos à análise filogenética, maior será a certeza se um determinado novo patógeno ou uma nova linhagem do vírus, é um risco para sociedade, seja porque é mais infecciosa; porque resiste à terapia antiviral (quando esse existe) ou porque escapa da proteção das vacinas.

[Imagem 2]



Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 3/6 – Imagem 1

Informações básicas de uma amostra coletada no âmbito da Vigilância Genômica



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 3/6 – Imagem 1:

[Título da imagem 1] Informações básicas de uma amostra coletada no âmbito da Vigilância Genômica

Identificação do espécime biológico

Identificação do local de coleta

Identificação da data de coleta

[Fonte da imagem 1] Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 3/6 – Imagem 2

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 3/6 – Imagem 2:

Macrocomponentes da Vigilância Genômica



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

[Título da imagem 2] Macrocomponentes da Vigilância Genômica

Vigilância Genômica

[Fonte da imagem 2] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 4/6

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 4/6:

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

A vigilância genômica vai focar em responder perguntas como:

- A doença é causada por um vírus novo?
- Quando o vírus surgiu?
- Qual a semelhança com outros patógenos já conhecidos?
- Qual foi o tempo entre o surgimento e os primeiros casos detectados?
- O vírus já circulava em outras regiões?
- Como o vírus se espalhou de uma área geográfica a outra?
- A doença tem origem zoonótica?
- Como se dá a transmissão do vírus? Existem vetores ou reservatórios conhecidos?
- Há relação entre os vírus encontrados no ambiente e em animais e humanos?
- Quantas introduções ocorreram em uma determinada região ou em seres humanos?
- É um caso de reinfecção ou infecção crônica?
- São grupos de casos com transmissão associada à ocupação, serviço de saúde, escola, asilo, presídio ou condições semelhantes?
- Os surtos em diferentes locais têm relação entre si?

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

A vigilância genômica vai focar em responder perguntas como:

- A doença é causada por um vírus novo?
- Quando o vírus surgiu?
- Qual a semelhança com outros patógenos já conhecidos?
- Qual foi o tempo entre o surgimento e os primeiros casos detectados?
- O vírus já circulava em outras regiões?
- Como o vírus se espalhou de uma área geográfica a outra?
- A doença tem origem zoonótica?
- Como se dá a transmissão do vírus? Existem vetores ou reservatórios conhecidos?
- Há relação entre os vírus encontrados no ambiente e em animais e humanos?
- Quantas introduções ocorreram em uma determinada região ou em seres humanos?
- É um caso de reinfecção ou infecção crônica?
- São grupos de casos com transmissão associada à ocupação, serviço de saúde, escola, asilo, presídio ou condições semelhantes?
- Os surtos em diferentes locais têm relação entre si?

Dessa forma, pode-se afirmar que a Vigilância Genômica é importante tanto para monitorar aqueles vírus que são desafios há décadas, tais como os vírus respiratórios e arbovírus, quanto para a descoberta de novos vírus.

As informações obtidas a partir da VG são ainda mais importantes para ajudar na mitigação de surtos e epidemias quando obtidas e compartilhadas em tempo oportuno através de base de dados públicos e curados como o GISAID.

Portanto, a prática de compartilhamento dos dados o mais rápido possível é encorajada pela Organização Mundial de Saúde (OMS), uma vez que a junção de dados epidemiológicos e genômicos de qualidade vai subsidiar as autoridades sanitárias a tomarem as melhores decisões de enfrentamento ao longo de um surto/epidemia/pandemia.

Dessa forma, pode-se afirmar que a Vigilância Genômica é importante tanto para monitorar aqueles vírus que são desafios há décadas, tais como os vírus respiratórios e arbovírus, quanto para a descoberta de novos vírus.

As informações obtidas a partir da VG são ainda mais importantes para ajudar na mitigação de surtos e epidemias quando obtidas e compartilhadas em tempo oportuno através de base de dados públicos e curados como o GISAID.

Portanto, a prática de compartilhamento dos dados o mais rápido possível é encorajada pela Organização Mundial de Saúde (OMS), uma vez que a junção de dados epidemiológicos e genômicos de qualidade vai subsidiar as autoridades sanitárias a tomarem as melhores decisões de enfrentamento ao longo de um surto/epidemia/pandemia.

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 5/6 – Avaliação formativa 2

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 5/6 – Avaliação formativa 2:

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Avaliação Formativa 2

Você não concluiu esta tarefa

Considerando o conteúdo estudado a respeito das etapas de Vigilância Genômica. Leia a alternativa a seguir e julgue-a com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para a falsa.

Escolha

As alterações genéticas só são importantes para a Vigilância Genômica, quando produzem uma alteração na estrutura dos microrganismos em questão.

Responder

Avaliação Formativa 2

[Mensagem] Você não concluiu esta tarefa

Considerando o conteúdo estudado a respeito das etapas de Vigilância Genômica. Leia a alternativa a seguir e julgue-a com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para a falsa.

[Opção] Escolha

As alterações genéticas só são importantes para a Vigilância Genômica, quando produzem uma alteração na estrutura dos microrganismos em questão.

[Botão] Responder

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 5/6 – Avaliação formativa 2 – Feedback correto

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 5/6 – Avaliação formativa 2 – Feedback correto:

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Alternativa correta

Haja visto que as mutações chamadas sinônimas, a despeito de não provocarem alterações na estrutura dos vírus, permitem a identificação de assinaturas genéticas, possibilitando o rastreamento de ancestrais e associação de sequências baseada na identidade. Dessa maneira, a importância da vigilância genômica encontra-se em todo o conhecimento e na detecção de mudanças, ainda que não determinantes da alteração estrutural de micro-organismos.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). **Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018.** Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Avaliação Formativa 2

Você concluiu esta tarefa

Considerando o conteúdo estudado a respeito das etapas de Vigilância Genômica. Leia a alternativa a seguir e julgue-a com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para a falsa.

F

As alterações genéticas só são importantes para a Vigilância Genômica, quando produzem uma alteração na estrutura dos microrganismos em questão.

Alternativa correta

Haja visto que as mutações chamadas sinônimas, a despeito de não provocarem alterações na estrutura dos vírus, permitem a identificação de assinaturas genéticas, possibilitando o rastreamento de ancestrais e associação de sequências baseada na identidade. Dessa maneira, a importância da vigilância genômica encontra-se em todo o conhecimento e na detecção de mudanças, ainda que não determinantes da alteração estrutural de micro-organismos.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS); Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Parabéns você acertou essa questão!

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 5/6 – Avaliação formativa 2 – Feedback incorreto

[Mensagem] Parabéns você acertou essa questão!

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 5/6 – Avaliação formativa 2 – Feedback incorreto:

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Alternativa incorreta

Haja visto que as mutações chamadas sinônimas, a despeito de não provocarem alterações na estrutura dos vírus, permitem a identificação de assinaturas genéticas, possibilitando o rastreamento de ancestrais e associação de sequências baseada na identidade. Dessa maneira, a importância da vigilância genômica encontra-se em todo o conhecimento e na detecção de mudanças, ainda que não determinantes da alteração estrutural de micro-organismos.

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Avaliação Formativa 2

Você concluiu esta tarefa

Considerando o conteúdo estudado a respeito das etapas de Vigilância Genômica. Leia a alternativa a seguir e julgue-a com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para a falsa.

V 

As alterações genéticas só são importantes para a Vigilância Genômica, quando produzem uma alteração na estrutura dos microrganismos em questão.

Alternativa incorreta

Haja visto que as mutações chamadas sinônimas, a despeito de não provocarem alterações na estrutura dos vírus, permitem a identificação de assinaturas genéticas, possibilitando o rastreamento de ancestrais e associação de sequências baseada na identidade. Dessa maneira, a importância da vigilância genômica encontra-se em todo o conhecimento e na detecção de mudanças, ainda que não determinantes da alteração estrutural de micro-organismos.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). **Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018.** Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Botão] Tentar novamente. Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Avaliação Formativa 3

Você não concluiu esta tarefa

Sabe-se que a identificação de uma sequência alvo e/ou o genoma completo de um micro-organismo são informações básicas e indispensáveis à realização da Vigilância Genômica. Assinale na lista, a seguir, outras 3 (três) informações básicas e indispensáveis à realização da Vigilância Genômica.

- Data de início de sintomas.
- Data da coleta.
- Local de coleta da amostra.
- Sexo do paciente.
- Horário da última refeição.
- Tipo de amostra.

Responder

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 6/6 – Avaliação formativa 3 – Feedbacks corretos

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 6/6 – Avaliação formativa 3:

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Avaliação Formativa 3

[Mensagem] Você não concluiu esta tarefa

Sabe-se que a identificação de uma sequência alvo e/ou o genoma completo de um micro-organismo são informações básicas e indispensáveis à realização da Vigilância Genômica. Assinale na lista, a seguir, outras 3 (três) informações básicas e indispensáveis à realização da Vigilância Genômica.

Data de início de sintomas.

Data da coleta.

Local de coleta da amostra.

Sexo do paciente.

Horário da última refeição.

Tipo de amostra.

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 6/6 – Avaliação formativa 3 – Feedbacks corretos:

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Avaliação Formativa 3

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Data da coleta

Alternativa correta

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. A data de coleta da amostra é uma informação básica e indispensável à

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Avaliação Formativa 3

Você concluiu esta tarefa

Sabe-se que a identificação de uma sequência alvo e/ou o genoma completo de um micro-organismo são informações básicas e indispensáveis à realização da Vigilância Genômica. Assinale na lista, a seguir, outras 3 (três) informações básicas e indispensáveis à realização da Vigilância Genômica.

Data da coleta.

Alternativa correta

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. A data de coleta da amostra é uma informação básica e indispensável à realização da Vigilância Genômica, pois contribui para as informações demográficas e epidemiológicas.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). *Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018*. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Local de coleta da amostra.

Alternativa correta

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. O local de coleta da amostra é uma informação básica e indispensável à realização da Vigilância Genômica, pois permite selecionar amostras de diferentes localizações geográficas, atendendo ao critério de representatividade.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. *Vigilância Genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS*. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2021. 51 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view. Acesso em: 22 fev. 2023.

realização da Vigilância Genômica, pois contribui para as informações demográficas e epidemiológicas.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). *Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018*. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Local de coleta da amostra.

Alternativa correta

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. O local de coleta da amostra é uma informação básica e indispensável à realização da Vigilância Genômica, pois permite selecionar amostras de diferentes localizações geográficas, atendendo ao critério de representatividade.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. *Vigilância Genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS*. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2021. 51 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view. Acesso em: 22 fev. 2023.

Tipo de amostra.

Alternativa correta

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. O tipo de amostra é uma informação básica e indispensável à realização da Vigilância Genômica, pois define-se o encaminhamento da amostra e sua qualidade para o sequenciamento.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. *Vigilância Genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da*

Tipo de amostra.

 **Alternativa correta**

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. O tipo de amostra é uma informação básica e indispensável à realização da Vigilância Genômica, pois define-se o encaminhamento da amostra e sua qualidade para o sequenciamento.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Vigilância Genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2021. 51 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view. Acesso em: 22 fev.2023.

 Parabéns você acertou essa questão!

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Página 6/6 – Avaliação formativa 3 – Feedbacks incorretos

SVS/MS. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2021. 51 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view. Acesso em: 22 fev.2023.

[Mensagem] Parabéns você acertou essa questão!

Conteúdo do Tópico: Etapas para a condução da Vigilância Genômica – Página 6/6 – Avaliação formativa 3 – Feedbacks incorretos

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Avaliação Formativa 3

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Horário da última refeição.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. O horário da última refeição não é uma informação básica e indispensável à realização da Vigilância Genômica, pois não contribui para as informações demográficas e epidemiológicas.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Vigilância Genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS.** Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2021. 51 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view.

Etapas para a condução da Vigilância Genômica

Avaliação Formativa 3

Você concluiu esta tarefa

Sabe-se que a identificação de uma sequência alvo e/ou o genoma completo de um micro-organismo são informações básicas e indispensáveis à realização da Vigilância Genômica. Assinale na lista, a seguir, outras 3 (três) informações básicas e indispensáveis à realização da Vigilância Genômica.

Horário da última refeição.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. O horário da última refeição não é uma informação básica e indispensável à realização da Vigilância Genômica, pois não contribui para as informações demográficas e epidemiológicas.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Vigilância Genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2021. 51 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view. Acesso em: 22 fev.2023.

Sexo do paciente.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. O sexo do paciente, apesar de ser uma informação contemplada e posteriormente analisada nos metadados, não é uma informação básica e indispensável à realização da Vigilância Genômica.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Vigilância Genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2021. 51 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view. Acesso em: 22 fev.2023.

[conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view](https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view). Acesso em: 22 fev.2023.

Sexo do paciente.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. O sexo do paciente, apesar de ser uma informação contemplada e posteriormente analisada nos metadados, não é uma informação básica e indispensável à realização da Vigilância Genômica.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Vigilância Genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2021. 51 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view. Acesso em: 22 fev.2023.

Data de início de sintomas.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A data de início dos sintomas não é uma informação básica e indispensável à realização da Vigilância Genômica, pois não contribui para as informações demográficas e epidemiológicas.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Vigilância Genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2021. 51 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view. Acesso em: 22 fev.2023.

[Botão] Tentar novamente. Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Data de início de sintomas.

 **Alternativa incorreta**

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A data de início dos sintomas não é uma informação básica e indispensável à realização da Vigilância Genômica, pois não contribui para as informações demográficas e epidemiológicas.

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Vigilância Genômica do vírus SARS-CoV-2 no âmbito da SVS/MS. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2021. 51 p. Disponível em: https://www.gov.br/saude-pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/cartilhas/2021/vigilancia-genomica-do-virus-sars-cov-2_6abr21_preliminar-final.pdf/view. Acesso em: 22 fev.2023.

Tentar novamente

 Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Saúde Única e a importância do monitoramento genômico

Página 1/3

Saúde Única e a importância do monitoramento genômico

O conceito de saúde única é definido pelo Centro de Controle e Prevenção de Doenças dos Estados Unidos da América como "uma metodologia colaborativa, multisectorial e multidisciplinar que atua a nível local, regional, nacional ou global com o objetivo de aprimorar a saúde através do reconhecimento da interconexão entre os seres humanos, animais, plantas e seu ambiente compartilhado".

Neste contexto, a utilização sistemática de uma ferramenta como a metagenômica, que possui o potencial de identificar o genoma de qualquer patógeno conhecido ou novo, aliada à uma vigilância epidemiológica sindrômica é fundamental para avançarmos na identificação de novas ameaças, incluindo aquelas com potencial epidêmico. Além disso, essa metodologia permite a confirmação da associação dos vírus com diversas doenças, tal como aconteceu recentemente com a COVID-19.

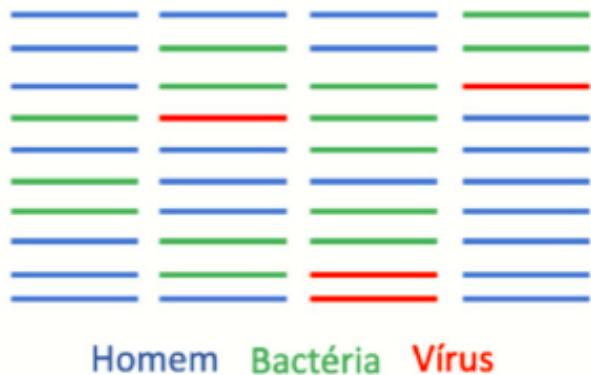
Conteúdo do Tópico: Saúde Única e a importância do monitoramento genômico – Página 1/3:

Saúde Única e a importância do monitoramento genômico

O conceito de saúde única é definido pelo Centro de Controle e Prevenção de Doenças dos Estados Unidos da América como "uma metodologia colaborativa, multisectorial e multidisciplinar que atua a nível local, regional, nacional ou global com o objetivo de aprimorar a saúde através do reconhecimento da interconexão entre os seres humanos, animais, plantas e seu ambiente compartilhado".

Neste contexto, a utilização sistemática de uma ferramenta como a metagenômica, que possui o potencial de identificar o genoma de qualquer patógeno conhecido ou novo, aliada à uma vigilância epidemiológica sindrômica é fundamental para avançarmos na identificação de novas ameaças, incluindo aquelas com potencial epidêmico. Além disso, essa metodologia permite a confirmação da associação dos vírus com diversas doenças, tal como aconteceu recentemente com a COVID-19.

Genomas identificados em um experimento de metagenômica



Fonte: NAVECA, Felipe. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. *In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.* Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em UM BÁSICO de saúde. *In: Centers for Disease Control and Prevention.* EUA, 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/onehealth/basics/index.html>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Título da imagem] Genomas identificados em um experimento de metagenômica

Homem
Bactéria
Vírus

[Fonte da imagem] Fonte: NAVECA, Felipe. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 1: Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica. Unidade 1. *In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.* Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em UM BÁSICO de saúde. *In: Centers for Disease Control and Prevention.* EUA, 2022. Disponível em: <https://www.cdc.gov/onehealth/basics/index.html>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Leitura Complementar
[SANTOS; ROMANOS e WIGG \(2002\)](#)

Leitura Complementar

[SANTOS; ROMANOS e WIGG \(2002\)](#)

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Saúde Única e a importância do monitoramento genômico

Página 1/3 – Palavra de glossário

Glossário



Metagenômica: Caracterização de toda informação genômica de microrganismos de um determinado ambiente ou amostra sem necessidade de cultivo. Essa abordagem consiste na extração dos ácidos nucléicos diretamente da amostra e construção de uma biblioteca metagenômica desses fragmentos. A análise posterior permite o acesso a genes dos possíveis microrganismos existentes. Trata-se de uma abordagem cara e complexa, separada por três etapas: 1 - coleta e tratamento da amostra, 2 - sequenciamento do ácido nucléico total presente na amostra por métodos de sequenciamento massivo paralelo e 3 - análise das bibliotecas de sequências geradas para identificação genética de microrganismos conhecidos ou não.

[Fechar \[X\]](#)

Conteúdo do Tópico: Saúde Única e a importância do monitoramento genômico – Página 1/3 – Palavra de glossário:

Glossário

Metagenômica: Caracterização de toda informação genômica de microrganismos de um determinado ambiente ou amostra sem necessidade de cultivo. Essa abordagem consiste na extração dos ácidos nucléicos diretamente da amostra e construção de uma biblioteca metagenômica desses fragmentos. A análise posterior permite o acesso a genes dos possíveis microrganismos existentes. Trata-se de uma abordagem cara e complexa, separada por três etapas: 1 - coleta e tratamento da amostra, 2 - sequenciamento do ácido nucléico total presente na amostra por métodos de sequenciamento massivo paralelo e 3 - análise das bibliotecas de sequências geradas para identificação genética de microrganismos conhecidos ou não.

[\[Botão\] Fechar \[X\]](#)

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Saúde Única e a importância do monitoramento genômico

Página 2/3 – Suporte teórico

Conteúdo do Tópico: Saúde Única e a importância do monitoramento genômico – Página 2/3 – Suporte teórico:

Saúde Única e a importância do monitoramento genômico

SuporTe Teórico

É importante ter em mente que os eventos que podem levar à emergência e disseminação de novos vírus estão acontecendo o tempo todo:

- aumento populacional;
- desmatamento e utilização de novas áreas onde havia florestas nativas;
- aumento no contato com a fauna silvestre;
- aumento das viagens, especialmente as de avião;
- conflitos ou guerras;
- mudanças climáticas;
- atitudes comportamentais ou culturais.

Saúde Única e a importância do monitoramento genômico

Suporte Teórico

É importante ter em mente que os eventos que podem levar à emergência e disseminação de novos vírus estão acontecendo o tempo todo:

- aumento populacional;
- desmatamento e utilização de novas áreas onde havia florestas nativas;
- aumento no contato com a fauna silvestre;
- aumento das viagens, especialmente as de avião;
- conflitos ou guerras;
- mudanças climáticas;
- atitudes comportamentais ou culturais.

O que vai limitar a possibilidade da ocorrência de casos esporádicos de infecção humana, ou mesmo de uma epidemia – nesse permanente contato com novos vírus zoonóticos – é a capacidade dos vírus de infectar os seres humanos e, principalmente, manterem uma transmissão sustentada humano-humano.

As variáveis envolvidas são tão complexas quanto a previsão de uma próxima pandemia, de forma que nos resta manter uma vigilância ativa e robusta, integrando cada vez mais a vigilância epidemiológica clássica com a genômica.

 Leitura Complementar

[SANTOS; ROMANOS e WIGG \(2002\)](#)

O que vai limitar a possibilidade da ocorrência de casos esporádicos de infecção humana, ou mesmo de uma epidemia – nesse permanente contato com novos vírus zoonóticos – é a capacidade dos vírus de infectar os seres humanos e, principalmente, manterem uma transmissão sustentada humano-humano.

As variáveis envolvidas são tão complexas quanto a previsão de uma próxima pandemia, de forma que nos resta manter uma vigilância ativa e robusta, integrando cada vez mais a vigilância epidemiológica clássica com a genômica.

Leitura Complementar

[SANTOS; ROMANOS e WIGG \(2002\)](#)

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Saúde Única e a importância do monitoramento genômico

Página 3/3 – Avaliação formativa 4

Conteúdo do Tópico: Saúde Única e a importância do monitoramento genômico – Página 3/3 – Avaliação formativa 4:

**Saúde Única e a importância do monitoramento genômico
Avaliação Formativa 4**

[Mensagem] Você não concluiu esta tarefa

Sabe-se que o conceito de Saúde Única é definido pelo Centro de Controle e Prevenção de Doenças dos Estados Unidos da América como uma "metodologia colaborativa, multisectorial e multidisciplinar que atua a nível local, regional, nacional ou global para aprimorar a saúde por meio do reconhecimento da

Saúde Única e a importância do monitoramento genômico

Avaliação Formativa 4

Você concluiu esta tarefa

Sabe-se que o conceito de Saúde Única é definido pelo Centro de Controle e Prevenção de Doenças dos Estados Unidos da América como uma "metodologia colaborativa, multisectorial e multidisciplinar que atua a nível local, regional, nacional ou global para aprimorar a saúde por meio do reconhecimento da interconexão entre os seres humanos, animais, plantas e seu ambiente compartilhado".

Neste contexto, qual é a importância da abordagem de "saúde única" para a promoção da saúde e como o monitoramento genômico pode contribuir para essa abordagem?

Digite sua resposta:

Digite sua resposta aqui

Max. 500 caracteres (0 usados)

Responder

Módulo 1 - Conceitos de vigilância laboratorial e de vigilância genômica

Tópico: Saúde Única e a importância do monitoramento genômico

Página 3/3 – Avaliação formativa 4 – Comentários da Avaliação Formativa 4

interconexão entre os seres humanos, animais, plantas e seu ambiente compartilhado".

Neste contexto, qual é a importância da abordagem de "saúde única" para a promoção da saúde e como o monitoramento genômico pode contribuir para essa abordagem?

[Campo para resposta] Digite sua resposta:

Max. 500 caracteres (0 usados)

[Botão] Responder

Conteúdo do Tópico: Saúde Única e a importância do monitoramento genômico – Página 3/3 – Avaliação formativa 4 – Comentários da Avaliação Formativa 4:

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Comentários da Avaliação Formativa 4

A abordagem de "saúde única" é um conceito que enfatiza a interconexão entre a saúde humana, animal e ambiental. Ela reconhece que a saúde de um indivíduo e de uma população é influenciada por fatores que vão além do acesso a serviços de saúde, como a qualidade do meio ambiente, a segurança alimentar, as condições de trabalho, entre outros. Essa abordagem visa promover a saúde e prevenir doenças de forma

Comentários da Avaliação Formativa 4

A abordagem de "saúde única" é um conceito que enfatiza a interconexão entre a saúde humana, animal e ambiental. Ela reconhece que a saúde de um indivíduo e de uma população é influenciada por fatores que vão além do acesso a serviços de saúde, como a qualidade do meio ambiente, a segurança alimentar, as condições de trabalho, entre outros. Essa abordagem visa promover a saúde e prevenir doenças de forma integrada e holística, envolvendo ações transdisciplinares e transetoriais.

O monitoramento genômico pode contribuir para uma abordagem de saúde única, pois permite a análise das informações genéticas de seres humanos, animais e microrganismos presentes em determinado ambiente. Com essa abordagem, é possível identificar fatores genéticos que podem influenciar a suscetibilidade a doenças em diferentes espécies, e assim, implementar medidas preventivas mais efetivas.

Por exemplo, o monitoramento genômico pode ser usado para identificar patógenos que podem ser transmitidos entre animais e seres humanos, como foi o caso do surto de Ebola em 2014. Por meio do sequenciamento genômico do vírus, foi possível identificar a origem da epidemia e implementar medidas preventivas para evitar a influência do vírus.

Além disso, o monitoramento genômico pode ser usado para identificar marcadores genéticos relacionados a doenças humanas, permitindo uma prevenção mais direcionada e personalizada. Com essa abordagem, é possível identificar indivíduos com maior risco de desenvolver doenças específicas e, assim, implementar medidas preventivas mais eficazes, como mudanças no estilo de vida ou intervenções médicas mais precoces.

Portanto, o monitoramento genômico pode ser uma ferramenta importante para uma abordagem de saúde única, permitindo uma análise mais integrada e holística da saúde humana, animal e ambiental e permitindo a implementação de medidas preventivas mais eficazes e personalizadas.

Fonte: SANTOS, Norma Suely de Oliveira; ROMANOS, Maria Teresa Villela; WIGG, Márcia Dutra. *Introdução à Virologia Humana*. Capítulo 19. 2. ed. Guanabara/RJ: Koogan, 2002.

 Você respondeu essa questão!

integrada e holística, envolvendo ações transdisciplinares e transetoriais.

O monitoramento genômico pode contribuir para uma abordagem de saúde única, pois permite a análise das informações genéticas de seres humanos, animais e microrganismos presentes em determinado ambiente. Com essa abordagem, é possível identificar fatores genéticos que podem influenciar a suscetibilidade a doenças em diferentes espécies, e assim, implementar medidas preventivas mais efetivas.

Por exemplo, o monitoramento genômico pode ser usado para identificar patógenos que podem ser transmitidos entre animais e seres humanos, como foi o caso do surto de Ebola em 2014. Por meio do sequenciamento genômico do vírus, foi possível identificar a origem da epidemia e implementar medidas preventivas para evitar a influência do vírus.

Além disso, o monitoramento genômico pode ser usado para identificar marcadores genéticos relacionados a doenças humanas, permitindo uma prevenção mais direcionada e personalizada. Com essa abordagem, é possível identificar indivíduos com maior risco de desenvolver doenças específicas e, assim, implementar medidas preventivas mais eficazes, como mudanças no estilo de vida ou intervenções médicas mais precoces.

Portanto, o monitoramento genômico pode ser uma ferramenta importante para uma abordagem de saúde única, permitindo uma análise mais integrada e holística da saúde humana, animal e ambiental e permitindo a implementação de medidas preventivas mais eficazes e personalizadas.

Fonte: SANTOS, Norma Suely de Oliveira; ROMANOS, Maria Teresa Villela; WIGG, Márcia Dutra. *Introdução à Virologia Humana*. Capítulo 19. 2. ed. Guanabara/RJ: Koogan, 2002.

[Mensagem] Você respondeu essa questão!

Unidade 1 - Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Esta é a página inicial da unidade 1, módulo 2, a qual está dividida em:

- Unidade 1 - Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica
- Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular
- Objetivo(s) da aprendizagem

UNASUS Vigilância Genômica Limpar dados

Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais

Objetivos Guia de navegação Glossário geral Leitura recomendada Mais ·

Unidade 1 - Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Página 1 / 1



Fonte: DGLAB. In: Mapeamento genético: Qual o seu impacto nos dias de hoje? Ribeirão Preto/SP. 2020. Disponível em: <https://dglab.com.br/blog/mapeamento-genetico-qual-o-seu-impacto-nos-dias-de-hoje/>. Acesso em: 13 fev. 2023.

Objetivo(s) da aprendizagem

Identificar conceitos básicos de Virologia e de Vigilância Genômica aplicáveis à Saúde Pública.

Reconhecer como as ferramentas de Vigilância Genômica podem contribuir para o entendimento da dispersão dos arbovírus e dos vírus respiratórios.

Reconhecer as informações geradas pela Vigilância Genômica, para o melhor enfrentamento de doenças virais e atuação da vigilância em Saúde, com base nas viroses causadas por Influenza, SARS-CoV-2.

Identificar os processos necessários para garantir a realização da Vigilância Genômica.

Reconhecer as contribuições da epidemiologia molecular a partir da Vigilância Virológica do Sarampo.

Iniciar

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Objetivo(s) da aprendizagem

Página 1/1



Fonte: DGLAB. In: Mapeamento genético: Qual o seu impacto nos dias de hoje?. Ribeirão Preto/SP. 2020. Disponível em: <https://dglab.com.br/blog/mapeamento-genetico-qual-o-seu-impacto-nos-dias-de-hoje/>. Acesso em: 13 fev. 2023.

Objetivo(s) da aprendizagem

Identificar conceitos básicos de Virologia e de Vigilância Genômica aplicáveis à Saúde Pública.

Reconhecer como as ferramentas de Vigilância Genômica podem contribuir para o entendimento da dispersão dos arbovírus e dos vírus respiratórios.

Reconhecer as informações geradas pela Vigilância Genômica, para o melhor enfrentamento de doenças virais e atuação da vigilância em Saúde, com base nas viroses causadas por Influenza, SARS-CoV-2.

Identificar os processos necessários para garantir a realização da Vigilância Genômica.

Reconhecer as contribuições da epidemiologia molecular a partir da Vigilância Virológica do Sarampo.

Iniciar

Conteúdo do Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular – Objetivo(s) da aprendizagem – Página 1/1:

Objetivo(s) da aprendizagem

Identificar conceitos básicos de Virologia e de Vigilância Genômica aplicáveis à Saúde Pública.

Reconhecer como as ferramentas de Vigilância Genômica podem contribuir para o entendimento da dispersão dos arbovírus e dos vírus respiratórios.

Reconhecer as informações geradas pela Vigilância Genômica, para o melhor enfrentamento de doenças virais e atuação da vigilância em Saúde, com base nas viroses causadas por Influenza, SARS-CoV-2.

Identificar os processos necessários para garantir a realização da Vigilância Genômica.

Reconhecer as contribuições da epidemiologia molecular a partir da Vigilância Virológica do Sarampo.

[Fonte da imagem] Fonte: DGLAB. In: Mapeamento genético: Qual o seu impacto nos dias de hoje?. Ribeirão Preto/SP. 2020. Disponível em: <https://dglab.com.br/blog/mapeamento-genetico-qual-o-seu-impacto-nos-dias-de-hoje/>. Acesso em: 13 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Página 1/6

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 1/6:

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

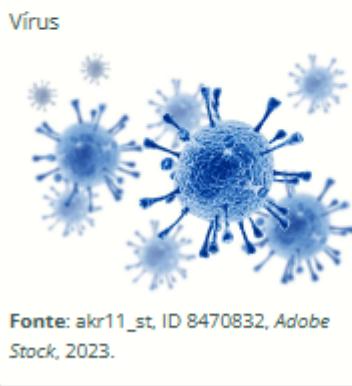
Nos tempos pré-modernos, a colonização, a escravidão e as guerras levaram à disseminação global de doenças infecciosas, com consequências devastadoras. Doenças humanas como a tuberculose, poliomielite, varíola e difteria circulavam

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Nos tempos pré-modernos, a colonização, a escravidão e as guerras levaram à disseminação global de doenças infecciosas, com consequências devastadoras. Doenças humanas como a tuberculose, poliomielite, varíola e difteria circulavam amplamente, e antes do advento das vacinas, essas doenças causaram morbidade e mortalidade substanciais.

No entanto, nas últimas duas décadas, avanços médicos e científicos como a vacinação, acesso à educação, a cuidados de saúde e saneamento reduziram a mortalidade e a morbidade geral relacionadas a doenças infecciosas, particularmente para infecções do trato respiratório inferior e doenças diarreicas.

Dentre os agentes patogênicos causadores de doenças infecciosas podemos destacar os vírus, as bactérias e os parasitos, sendo todos estes grupos compostos por agentes biológicos de grande diversidade biológica.



Fonte: akr11_st, ID 8470832, Adobe Stock, 2023.



Fonte: Giovanni Cancemi, ID 159347145, Adobe Stock, 2023.



Fonte: merklich, ID 419318545, Adobe Stock, 2023.

amplamente, e antes do advento das vacinas, essas doenças causaram morbidade e mortalidade substanciais.

No entanto, nas últimas duas décadas, avanços médicos e científicos como a vacinação, acesso à educação, a cuidados de saúde e saneamento reduziram a mortalidade e a morbidade geral relacionadas a doenças infecciosas, particularmente para infecções do trato respiratório inferior e doenças diarreicas.

Dentre os agentes patogênicos causadores de doenças infecciosas podemos destacar os vírus, as bactérias e os parasitos, sendo todos estes grupos compostos por agentes biológicos de grande diversidade biológica.

[Imagem 1] Vírus

[Fonte da Imagem 1] **Fonte:** akr11_st, ID 8470832, *Adobe Stock*, 2023.

[Imagem 2] Bactérias

[Fonte da Imagem 2] **Fonte:** Giovanni Cancemi, ID 159347145, *Adobe Stock*, 2023.

[Imagem 3] Parasitos

[Fonte da Imagem 3] **Fonte:** merklich, ID 419318545, *Adobe Stock*, 2023.

Neste recurso educacional, vamos abordar os vírus - agentes infecciosos menores que bactérias e constituídos por ácido nucléico e proteína.

Apesar da falta de consenso entre os cientistas de serem classificados como seres vivos, os vírus dependem das atividades que ocorrem no interior de células hospedeiras (as quais eles infectam), pois utilizam a capacidade de síntese das células em uma relação de parasitismo.

Neste recurso educacional, vamos abordar os vírus - agentes infecciosos menores que bactérias e constituídos por ácido nucléico e proteína.

Apesar da falta de consenso entre os cientistas de serem classificados como seres vivos, os vírus dependem das atividades que ocorrem no interior de células hospedeiras (as quais eles infectam), pois utilizam a capacidade de síntese das células em uma relação de parasitismo.

Quando infectam uma célula, são replicados no interior desta célula, sendo liberados ao fim do processo, possibilitando a infecção de outras células ou mesmo outros hospedeiros.

Um dos efeitos da replicação dos vírus pode ser a destruição e morte celular, alterando o tecido ou órgão afetado. Ainda, no processo de infecção e multiplicação viral, quando associado a intensa reação de defesa do organismo, também pode levar ao adoecimento do indivíduo.

 Leitura Recomendada
[STEPHENS \(2009\) – PDF – 1,6 MB](#)

 Leitura Complementar
[SANTOS; ROMANOS e WIGG \(2002\)](#)

Quando infectam uma célula, são replicados no interior desta célula, sendo liberados ao fim do processo, possibilitando a infecção de outras células ou mesmo outros hospedeiros.

Um dos efeitos da replicação dos vírus pode ser a destruição e morte celular, alterando o tecido ou órgão afetado. Ainda, no processo de infecção e multiplicação viral, quando associado a intensa reação de defesa do organismo, também pode levar ao adoecimento do indivíduo.

Leitura Recomendada
[STEPHENS \(2009\) – PDF – 1,6 MB](#)

Leitura Complementar
[SANTOS; ROMANOS e WIGG \(2002\)](#)

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Página 2/6

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 2/6:

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Todos os vírus seguem uma estratégia simples de três partes para garantir a sobrevivência:

[Imagem]

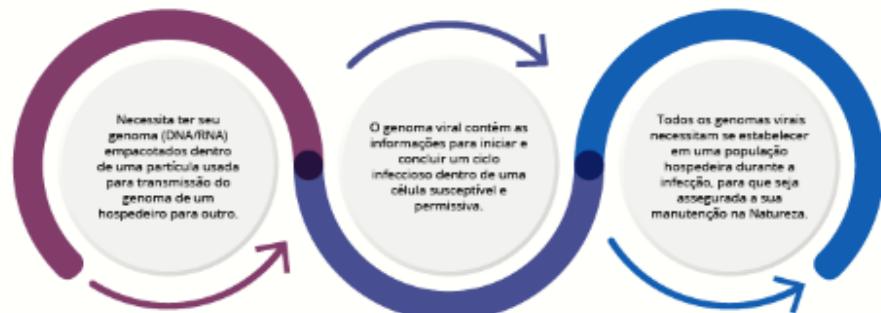
Os vírus correspondem a uma parte significativa do ecossistema da Terra, infectando todos os seres vivos e com impacto relativamente amplo na vida, como conhecemos em todos os biomas. A Virologia requer a combinação de quase todos os assuntos em biologia e testa constantemente a capacidade de pensar e de associar informações.

Os vírus, podem infectar bactérias, plantas e animais. Na nossa espécie, por exemplo, uma gama de doenças agudas ou crônicas de impacto em saúde pública, como COVID-19, gripe, catapora, herpes, rubéola, sarampo, varíola, poliomielite, raiva, dengue, febre amarela, mononucleose, meningites, caxumba, hepatites e

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Todos os vírus seguem uma estratégia simples de três partes para garantir a sobrevivência:

Estratégia de sobrevivência dos vírus



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Os vírus correspondem a uma parte significativa do ecossistema da Terra, infectando todos os seres vivos e com impacto relativamente amplo na vida, como conhecemos em todos os biomas. A Virologia requer a combinação de quase todos os assuntos em biologia e testa constantemente a capacidade de pensar e de associar informações.

Os vírus, podem infectar bactérias, plantas e animais. Na nossa espécie, por exemplo, uma gama de doenças agudas ou crônicas de impacto em saúde pública, como COVID-19, gripe, catapora, herpes, rubéola, sarampo, varíola, poliomielite, raiva, dengue, febre amarela, mononucleose, meningites, caxumba, hepatites e AIDS; podem ser provocados por eles. Algumas doenças não surgem mais de uma vez em um mesmo indivíduo, enquanto outras podem se apresentar em mais de um episódio. Outro ponto é o grau de morbidade e mortalidade que também pode variar de acordo com a característica do vírus ou do hospedeiro.

AIDS; podem ser provocados por eles. Algumas doenças não surgem mais de uma vez em um mesmo indivíduo, enquanto outras podem se apresentar em mais de um episódio. Outro ponto é o grau de morbidade e mortalidade que também pode variar de acordo com a característica do vírus ou do hospedeiro.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Página 2/6 – Imagem

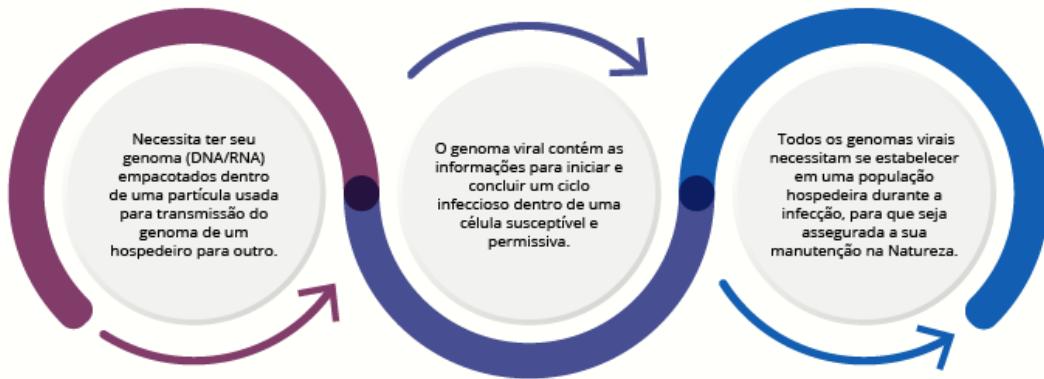
Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 2/6 – Imagem:

[Título da imagem] Estratégia de sobrevivência dos vírus

Necessita ter seu genoma (DNA/RNA) empacotados dentro de uma partícula usada para transmissão do genoma de um hospedeiro para outro.

O genoma viral contém as informações para iniciar e concluir um ciclo infeccioso dentro de uma célula suscetível e permissiva.

Estratégia de sobrevivência dos vírus



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.** Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Todos os genomas virais necessitam se estabelecer em uma população hospedeira durante a infecção, para que seja assegurada a sua manutenção na Natureza.

[Fonte da imagem] Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.** Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Página 3/6

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 3/6:

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Outro ponto importante são as formas e como se estabelecem os mecanismos de transmissão das doenças virais. Sabe-se que a transmissão dos vírus de um hospedeiro a outro, pode se dar por meio de vetores; em outros casos, de pessoa para pessoa; por secreções respiratórias ou por meio de alimentos, objetos, da água, superfícies ou instrumentais contaminados. Esses vetores podem ser biológicos e mecânicos.

[Título do card] Vetor Biológico

[Fonte do card] Fonte: QUASE 88% DOS MUNICÍPIOS GAÚCHOS ESTÃO INFESTADOS PELO AEDES AEGYPT. Lajeado/RS: Assessoria de Imprensa, 2022-2022. Grupo A Hora. Disponível em: <https://grupoahora.net.br/conteudos/2022/04/12/quase-88-dos-municipios-gauchos-estao-infestados-pelo-aedes-aegypt/>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Outro ponto importante são as formas e como se estabelecem os mecanismos de transmissão das doenças virais. Sabe-se que a transmissão dos vírus de um hospedeiro a outro, pode se dar por meio de vetores; em outros casos, de pessoa para pessoa; por secreções respiratórias ou por meio de alimentos, objetos, da água, superfícies ou instrumentais contaminados. Esses vetores podem ser biológicos e mecânicos.

Vetor Biológico



[Clique para virar o card](#)

Fonte: QUASE 88% DOS MUNICÍPIOS GAÚCHOS ESTÃO INFESTADOS PELO AEDES AEGYPT. Lajeado/RS: Assessoria de Imprensa, 2022-2022. Grupo A Hora. Disponível em: <https://grupoahora.net.br/conteudos/2022/04/12/quase-88-dos-municipios-gauchos-estao-infestados-pelo-aedes-aegypt/>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Vetor Mecânico



[Clique para virar o card](#)

Fonte: nata777_7, ID 241024848, Adobe Stock, 2023.

A busca por um tratamento eficaz dependerá do agente causador e das regiões ou órgãos acometidos. Muitas vezes, a única estratégia disponível, é lançar medidas paliativas, como o uso de medicamentos sintomáticos, até que o vírus seja eliminado naturalmente pelo organismo; ou prevenir complicações maiores e tentar melhorar a qualidade de vida do paciente, nos casos em que o vírus permanece de forma crônica no organismo, como na AIDS e no tratamento personalizado de terapia antirretroviral.



Fonte: scaliger, ID 403033926, Adobe Stock, 2022.

Diante disso, o ideal é sempre que possível, pensar em medidas de prevenção e, em muitos casos, a vacinação é a forma mais viável, barata e segura para atingir esse propósito. O conhecimento sobre as formas de transmissão, patogênese, evolução viral e a resposta imunológica do hospedeiro, são aspectos de grande importância para o desenvolvimento destas estratégias.

Os mecanismos de transmissão, a patogênese, a dinâmica de evolução viral e a resposta imunológica do hospedeiro, são aspectos de grande importância para o desenvolvimento destas estratégias.

[Comando] Clique para virar o card

[Título do card] Vetor Mecânico

[Fonte do card] Fonte: nata777_7, ID 241024848, Adobe Stock, 2023.

[Comando] Clique para virar o card

A busca por um tratamento eficaz dependerá do agente causador e das regiões ou órgãos acometidos. Muitas vezes, a única estratégia disponível, é lançar medidas paliativas, como o uso de medicamentos sintomáticos, até que o vírus seja eliminado naturalmente pelo organismo; ou prevenir complicações maiores e tentar melhorar a qualidade de vida do paciente, nos casos em que o vírus permanece de forma crônica no organismo, como na AIDS e no tratamento personalizado de terapia antirretroviral.

[Fonte da imagem] Fonte: scaliger, ID 403033926, Adobe Stock, 2022.

[Destaque] Diante disso, o ideal é sempre que possível, pensar em medidas de prevenção e, em muitos casos, a vacinação é a forma mais viável, barata e segura para atingir esse propósito. O conhecimento sobre as formas de transmissão, patogênese, evolução viral e a resposta imunológica do hospedeiro, são aspectos de grande importância para o desenvolvimento destas estratégias.

[Destaque] Os mecanismos de transmissão, a patogênese, a dinâmica de evolução viral e a resposta imunológica do hospedeiro, são aspectos de grande importância para o desenvolvimento destas estratégias.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular
Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública
Página 3/6 – Card Vetor Biológico

Vetor Biológico

O vetor biológico é aquele que apresenta a capacidade para a multiplicação de um agente causador de doenças, aumentando o número de partículas viáveis que serão transmitidas. Um exemplo de vetor biológico é o mosquito da espécie *Aedes aegypt*, vetor de doenças como Dengue, Febre Amarela, Zika, entre outras arboviroses.

[Voltar](#)

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 3/6 – Card Vetor Biológico:

Vetor Biológico

O vetor biológico é aquele que apresenta a capacidade para a multiplicação de um agente causador de doenças, aumentando o número de partículas viáveis que serão transmitidas. Um exemplo de vetor biológico é o mosquito da espécie *Aedes aegypt*, vetor de doenças como Dengue, Febre Amarela, Zika, entre outras arboviroses.

[Comando] Voltar

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular
Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública
Página 3/6 – Card Vetor Mecânico

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 3/6 – Card Vetor Mecânico:

Vetor Mecânico

O vetor mecânico é aquele em que o agente causador da doença não se multiplica e não se desenvolve nesse local, sendo apenas uma forma de transporte do vírus em si, que já esteja em quantidade e condições viáveis de infecção. Como exemplo de vetor mecânico, podemos destacar a mosca doméstica capaz de transportar através de seu corpo, formas infectantes de vírus, e estes, com capacidade de causar doenças como gastroenterites, meningites e hepatites virais.

[Comando] Voltar

Vetor Mecânico

O vetor mecânico é aquele em que o agente causador da doença não se multiplica e não se desenvolve nesse local, sendo apenas uma forma de transporte do vírus em si, que já esteja em quantidade e condições viáveis de infecção.

Como exemplo de vetor mecânico, podemos destacar a mosca doméstica capaz de transportar através de seu corpo, formas infectantes de vírus, e estes, com capacidade de causar doenças como gastroenterites, meningites e hepatites virais.

[Voltar](#)

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Página 4/6 – Imagem

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 4/6 – Imagem:

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

[Título da imagem] Medidas de prevenção de doenças virais

Quarentena

Isolamento físico de pessoas infectadas de pessoas não infectadas. Ex.: varíola, vírus Ebola e SARS.

Redução do risco de exposição

- Introdução de melhorias sanitárias (ex.: infecções entéricas).
- Adoção de práticas e vestuários protetores (ex.: HBV, HIV).
- Veiculação de informações para a população (doenças sexualmente transmitidas, IVDUs).
- Infraestrutura e treinamento de profissionais (hospitais, laboratórios de pesquisa de produção e biotérios).

Eliminação do vetor

Medida de controle de arboviroses. Controle do mosquito (eliminação de sítios de reprodução, destruição dos mosquitos e das larvas). Ex.: dengue e febre amarela.

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Medidas de prevenção de doenças virais



Fontes:
peterschreiber.media, ID 512192988, Adobe Stock, 2023.
Feydzhet Shabano, ID 76064252, Adobe Stock, 2023.
sdecoret, ID 238325686, Adobe Stock, 2023.
Ahmet Aglamaz, ID 319268668, Adobe Stock, 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Página 5/6 – Suporte teórico

Controle do sangue e derivados (HBV, HCV, HIV, HTLV)

Imunização: passiva (imunoglobulina) e ativa (vacinação)

Terapia antiviral: (por exemplo, HIV em grávidas)

Fontes:

peterschreiber.media, ID 512192988, Adobe Stock, 2023.

Feydzhet Shabano, ID 76064252, Adobe Stock, 2023.

sdecoret, ID 238325686, Adobe Stock, 2023.

Ahmet Aglamaz, ID 319268668, Adobe Stock, 2023.

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 5/6 – Suporte teórico:

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Suporte Teórico

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Suporte Teórico

O rápido desenvolvimento da vacina contra o coronavírus tipo 2 da síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV-2) é um claro exemplo que mostra a eficácia da ciência moderna em combater rapidamente as ameaças associadas a patógenos emergentes. Ainda assim, a carga de doenças infecciosas permanece considerável em países com renda baixa e média-baixa, enquanto a mortalidade e a morbidade associadas a doenças tropicais negligenciadas, infecção por HIV, tuberculose e malária permanecem altas. Além disso, as mortes por infecções emergentes e reemergentes, em comparação com infecções sazonais e endêmicas, persistiram ao longo do século XXI.

Tudo isso aponta para uma possível nova era de doenças infecciosas, definida por surtos de patógenos emergentes, reemergentes e endêmicos que se espalham rapidamente, auxiliados pela conectividade global e devido às mudanças climáticas.



Fonte: alphaspirit, ID 333037959, Adobe Stock, 2023.

As doenças virais são um desafio permanente para a saúde pública mundial e torna-se cada vez mais importante entender a dinâmica das doenças e saber que é necessário estar atento aos novos desafios que se apresentam. A vigilância epidemiológica é fundamental para estabelecer os cenários de uma doença e determinar as medidas necessárias para o enfrentamento de crises sanitárias como as que vivemos hoje, sejam de impacto limitado ou não.

Leitura Complementar

[**SANTOS; ROMANOS e WIGG \(2002\)**](#)

O rápido desenvolvimento da vacina contra o coronavírus tipo 2 da síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV-2) é um claro exemplo que mostra a eficácia da ciência moderna em combater rapidamente as ameaças associadas a patógenos emergentes. Ainda assim, a carga de doenças infecciosas permanece considerável em países com renda baixa e média-baixa, enquanto a mortalidade e a morbidade associadas a doenças tropicais negligenciadas, infecção por HIV, tuberculose e malária permanecem altas. Além disso, as mortes por infecções emergentes e reemergentes, em comparação com infecções sazonais e endêmicas, persistiram ao longo do século XXI.

Tudo isso aponta para uma possível nova era de doenças infecciosas, definida por surtos de patógenos emergentes, reemergentes e endêmicos que se espalham rapidamente, auxiliados pela conectividade global e devido às mudanças climáticas.

[Fonte da imagem] Fonte: alphaspirit, ID 333037959, *Adobe Stock*, 2023.

[Destaque] As doenças virais são um desafio permanente para a saúde pública mundial e torna-se cada vez mais importante entender a dinâmica das doenças e saber que é necessário estar atento aos novos desafios que se apresentam. A vigilância epidemiológica é fundamental para estabelecer os cenários de uma doença e determinar as medidas necessárias para o enfrentamento de crises sanitárias como as que vivemos hoje, sejam de impacto limitado ou não.

Leitura Complementar

[**SANTOS; ROMANOS e WIGG \(2002\)**](#)

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Página 6/6 – Avaliação formativa 5

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 6/6 – Avaliação formativa 5:

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Avaliação Formativa 5

Você não concluiu esta tarefa

Dentro das ações de vigilância em Saúde, as Vigilâncias Epidemiológicas, Laboratorial e Genômica desempenham papéis que devem ser sinérgicos e complementares, de maneira a reconhecer que algo está fora do esperado, como, por exemplo, o aumento inesperado de casos febris em uma região, e tomar ações em função do fato ocorrido.

Neste contexto, as ações específicas que se espera da Vigilância Epidemiológica, da Vigilância Laboratorial e da Vigilância Genômica são respectivamente:

- Diagnóstico etiológico, coleta de dados sociodemográficos e identificação de um vírus novo.
- Entrevistas e coleta de informações sociodemográficas, diagnóstico etiológico e identificação de um vírus novo.
- Entrevistas, coleta de informações sociodemográficas e clínicas; diagnóstico etiológico e identificação da linhagem viral ou de um vírus novo.
- Diagnóstico etiológico; coleta de dados sociodemográficos e clínicos; identificação da linhagem viral.

Responder

Avaliação Formativa 5

[Mensagem] Você não concluiu esta tarefa

Dentro das ações de vigilância em Saúde, as Vigilâncias Epidemiológicas, Laboratorial e Genômica desempenham papéis que devem ser sinérgicos e complementares, de maneira a reconhecer que algo está fora do esperado, como, por exemplo, o aumento inesperado de casos febris em uma região, e tomar ações em função do fato ocorrido.

Neste contexto, as ações específicas que se espera da Vigilância Epidemiológica, da Vigilância Laboratorial e da Vigilância Genômica são respectivamente:

- () Diagnóstico etiológico, coleta de dados sociodemográficos e identificação de um vírus novo.
- () Entrevistas e coleta de informações sociodemográficas, diagnóstico etiológico e identificação de um vírus novo.
- () Entrevistas, coleta de informações sociodemográficas e clínicas; diagnóstico etiológico e identificação da linhagem viral ou de um vírus novo.
- () Diagnóstico etiológico; coleta de dados sociodemográficos e clínicos; identificação da linhagem viral.

[Botão] Responder

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Página 6/6 – Avaliação formativa 5 – Feedback correto

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 6/6 – Avaliação formativa 5 – Feedback correto:

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Entrevistas, coleta de informações sociodemográficas e clínicas; diagnóstico etiológico e identificação da linhagem viral ou de um vírus novo.

Alternativa correta

Avaliação Formativa 5

Você concluiu esta tarefa

Dentro das ações de vigilância em Saúde, as Vigilâncias Epidemiológicas, Laboratorial e Genômica desempenham papéis que devem ser sinérgicos e complementares, de maneira a reconhecer que algo está fora do esperado, como, por exemplo, o aumento inesperado de casos febris em uma região, e tomar ações em função do fato ocorrido.

Neste contexto, as ações específicas que se espera da Vigilância Epidemiológica, da Vigilância Laboratorial e da Vigilância Genômica são respectivamente:

- Entrevistas, coleta de informações sociodemográficas e clínicas; diagnóstico etiológico e identificação da linhagem viral ou de um vírus novo.

Alternativa correta

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. É atribuição da VE a coleta das melhores informações sociodemográficas e clínicas, enquanto a VL deve se focar na identificação do agente viral utilizando as provas laboratoriais mais adequadas ao caso e ao período de evolução da doença, incluindo provas de detecção de componentes virais como抗原s ou material genético. Cabe a VG caracterizar a linhagem para os vírus conhecidos ou identificar se for um agente novo para a ciência.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Parabéns você acertou essa questão!

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. É atribuição da VE a coleta das melhores informações sociodemográficas e clínicas, enquanto a VL deve se focar na identificação do agente viral utilizando as provas laboratoriais mais adequadas ao caso e ao período de evolução da doença, incluindo provas de detecção de componentes virais como抗原s ou material genético. Cabe a VG caracterizar a linhagem para os vírus conhecidos ou identificar se for um agente novo para a ciência.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Mensagem] Parabéns, você acertou esta questão!

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Página 6/6 – Avaliação formativa 5 – Feedback incorreto

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 6/6 – Avaliação formativa 5 – Feedback incorreto:

Entrevistas e coleta de informações sociodemográficas, diagnóstico etiológico e identificação de um vírus novo.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A ordem das ações está correta, entretanto, falta menção à coleta dos dados clínicos.

Avaliação Formativa 5

Você concluiu esta tarefa

Dentro das ações de vigilância em Saúde, as Vigilâncias Epidemiológicas, Laboratorial e Genômica desempenham papéis que devem ser sinérgicos e complementares, de maneira a reconhecer que algo está fora do esperado, como, por exemplo, o aumento inesperado de casos febris em uma região, e tomar ações em função do fato ocorrido.

Neste contexto, as ações específicas que se espera da Vigilância Epidemiológica, da Vigilância Laboratorial e da Vigilância Genômica são respectivamente:

- Entrevistas e coleta de informações sociodemográficas, diagnóstico etiológico e identificação de um vírus novo.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A ordem das ações está correta, entretanto, falta menção à coleta dos dados clínicos.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Botão] Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Página 6/6 – Avaliação formativa 5 – Feedback incorreto

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 6/6 – Avaliação formativa 5 – Feedback incorreto:

Diagnóstico etiológico; coleta de dados sociodemográficos e clínicos; identificação da linhagem viral.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. O diagnóstico etiológico não é uma ação específica da Vigilância Epidemiológica, e deve ser precedido pela coleta das informações epidemiológicas.

Avaliação Formativa 5

Você concluiu esta tarefa

Dentro das ações de vigilância em Saúde, as Vigilâncias Epidemiológicas, Laboratorial e Genômica desempenham papéis que devem ser sinérgicos e complementares, de maneira a reconhecer que algo está fora do esperado, como, por exemplo, o aumento inesperado de casos febris em uma região, e tomar ações em função do fato ocorrido.

Neste contexto, as ações específicas que se espera da Vigilância Epidemiológica, da Vigilância Laboratorial e da Vigilância Genômica são respectivamente:

- Diagnóstico etiológico; coleta de dados sociodemográficos e clínicos; identificação da linhagem viral.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. O diagnóstico etiológico não é uma ação específica da Vigilância Epidemiológica, e deve ser precedido pela coleta das informações epidemiológicas.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Botão] Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública

Página 6/6 – Avaliação formativa 5 – Feedback incorreto

Conteúdo do Tópico: Virologia e Vigilância Genômica aplicada à Saúde Pública – Página 6/6 – Avaliação formativa 5 – Feedback incorreto:

Diagnóstico etiológico, coleta de dados sociodemográficos e identificação de um vírus novo.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. O diagnóstico etiológico não é uma ação específica da Vigilância Epidemiológica e deve ser precedido pela coleta das informações epidemiológicas.

Avaliação Formativa 5

Você concluiu esta tarefa

Dentro das ações de vigilância em Saúde, as Vigilâncias Epidemiológicas, Laboratorial e Genômica desempenham papéis que devem ser sinérgicos e complementares, de maneira a reconhecer que algo está fora do esperado, como, por exemplo, o aumento inesperado de casos febris em uma região, e tomar ações em função do fato ocorrido.

Neste contexto, as ações específicas que se espera da Vigilância Epidemiológica, da Vigilância Laboratorial e da Vigilância Genômica são respectivamente:

- Diagnóstico etiológico, coleta de dados sociodemográficos e identificação de um vírus novo.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. O diagnóstico etiológico não é uma ação específica da Vigilância Epidemiológica e deve ser precedido pela coleta das informações epidemiológicas.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Fonte: BRASIL. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS). Resolução nº 588, de 12 de julho de 2018. Institui a Política Nacional de Vigilância em Saúde. Ministério da Educação. Conselho Nacional de Saúde (CNS): Brasília/DF, 2018. Disponível em: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2018/Reso588.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Botão] Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 1/4

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 1/4:

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

A vigilância laboratorial é fundamental na investigação de agravos como as arboviroses, em que os sinais e sintomas clínicos da doença muitas vezes são insuficientes para o diagnóstico etiológico.

Foto de um mosquito Aedes Aegypt

[Fonte da foto] Fonte: 3drenderings, ID 108129854, Adobe Stock, 2023.

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

A vigilância laboratorial é fundamental na investigação de agravos como as arboviroses, em que os sinais e sintomas clínicos da doença muitas vezes são insuficientes para o diagnóstico etiológico.



Fonte: 3drenderings, ID 108129854, Adobe Stock, 2023.

Com a recente expansão global de arboviroses tais como Dengue, Zika e Chikungunya, as quais passaram a ter ciclos endêmicos em diversos países tropicais e subtropicais, o diagnóstico etiológico passa a ser um desafio ainda maior.

Em paralelo, estudos recentes têm demonstrado a importância da vigilância genômica para entender a dinâmica de disseminação espaço-temporal de diferentes arbovírus. Descreveremos a seguir as características de alguns vírus com importância para saúde pública, transmitidos por picadas de mosquitos, e em como o uso da vigilância genômica na mitigação dos seus efeitos.

Características de alguns vírus com importância para saúde pública

Zika Chikungunya Dengue Febre Amarela Mayaro Oropouche

Zika / ZIKV

Por exemplo, um estudo a respeito da disseminação inicial do vírus Zika (ZIKV – família Flaviviridae, gênero Flavivirus) no Brasil inferiu que ele já havia sido introduzido pelo menos 12 meses antes do primeiro caso confirmado no país, e que essa introdução era provavelmente a partir de países que já enfrentavam uma epidemia de Zika na Polinésia Francesa [Faria]. Em Manaus, capital do estado do Amazonas, foi observado que a disseminação do ZIKV se deu através de múltiplas introduções oriundas de diferentes estados da região nordeste (GIOVANNETI, 2020).

Entre 2016 e 2017 ocorreu uma epidemia de Zika em Porto Rico (EUA), onde os dados obtidos através de estudos filogenéticos mostraram que a epidemia se deu a partir de múltiplas introduções virais, após 10 meses de circulação críptica [Santiago].

[Destaque] Com a recente expansão global de arboviroses tais como Dengue, Zika e Chikungunya, as quais passaram a ter ciclos endêmicos em diversos países tropicais e subtropicais, o diagnóstico etiológico passa a ser um desafio ainda maior.

Em paralelo, estudos recentes têm demonstrado a importância da vigilância genômica para entender a dinâmica de disseminação espaço-temporal de diferentes arbovírus. Descreveremos a seguir as características de alguns vírus com importância para saúde pública, transmitidos por picadas de mosquitos, e em como o uso da vigilância genômica na mitigação dos seus efeitos.

[Caixa com abas]

Características de alguns vírus com importância para saúde pública

[Aba 1] Zika

Zika / ZIKV

Por exemplo, um estudo a respeito da disseminação inicial do vírus Zika (ZIKV – família Flaviviridae, gênero Flavivirus) no Brasil inferiu que ele já havia sido introduzido pelo menos 12 meses antes do primeiro caso confirmado no país, e que essa introdução era provavelmente a partir de países que já enfrentavam uma epidemia de Zika na Polinésia Francesa [Faria]. Em Manaus, capital do estado do Amazonas, foi observado que a disseminação do ZIKV se deu através de múltiplas introduções oriundas de diferentes estados da região nordeste (GIOVANNETI, 2020).

Entre 2016 e 2017 ocorreu uma epidemia de Zika em Porto Rico (EUA), onde os dados obtidos através de estudos filogenéticos mostraram que a epidemia se deu a partir de múltiplas introduções virais, após 10 meses de circulação críptica [Santiago].

[Aba 2] Chikungunya

[Aba 3] Dengue

[Aba 4] Febre Amarela

 Leitura Recomendada
[NAVECA \(2019\)](#) – PDF – 1,8 MB

 Leitura Recomendada
[JESUS et al. \(2020\)](#) – PDF – 1,7 MB

 Leitura Recomendada
[NASCIMENTO \(2020\)](#) – PDF – 2,1 MB

 Leitura Complementar
[SANTIAGO \(2021\)](#)

 Leitura Complementar
[FARIA \(2017\)](#)

 Leitura Complementar
[GOVANETTI \(2020\)](#)

 Leitura Complementar
[HAFSIA et al. \(2022\)](#)

 Leitura Complementar
[BRASIL \(2022\)](#)

 Leitura Complementar
[MAVIAN \(2017\)](#)

[Aba 5] Mayaro
[Aba 6] Oropouche

Leitura Recomendada
[NAVECA \(2019\)](#) – PDF – 1,8 MB

Leitura Recomendada
[JESUS et al. \(2020\)](#) – PDF – 1,7 MB

Leitura Recomendada
[NASCIMENTO \(2020\)](#) – PDF – 2,1 MB

Leitura Complementar
[SANTIAGO \(2021\)](#)

Leitura Complementar
[FARIA \(2017\)](#)

Leitura Complementar
[GOVANETTI \(2020\)](#)

Leitura Complementar
[HAFSIA et al. \(2022\)](#)

Leitura Complementar
[BRASIL \(2022\)](#)

Leitura Complementar
[MAVIAN \(2017\)](#)

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular
Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios
Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 2 – Chikungunya

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 2 – Chikungunya:

Chikungunya / CHIKV

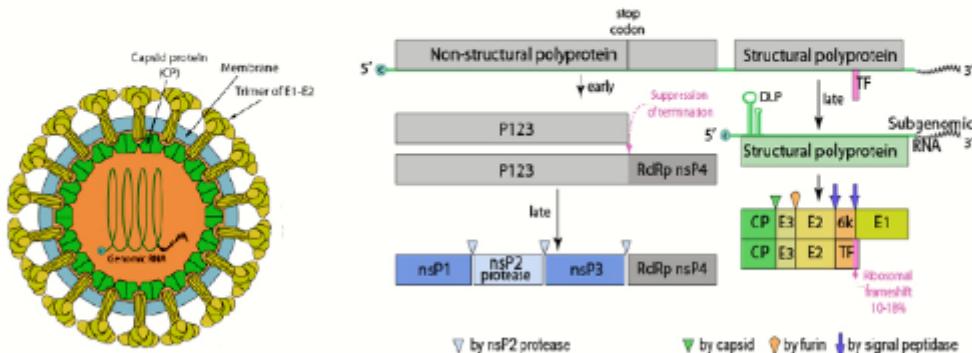
Características de alguns vírus com importância para saúde pública

Zika Chikungunya Dengue Febre Amarela Mayaro Oropouche

Chikungunya / CHIKV

Dados inicialmente obtidos através de vigilância genômica levantaram a hipótese – posteriormente comprovada – que a emergência global do vírus Chikungunya (CHIKV - família Togaviridae, gênero Alphavirus), iniciou em 2005, principalmente, por conta de uma mutação adaptativa (A226V) na glicoproteína de envelope E1, a qual permitiu que o vírus utilizasse um novo vetor epidêmico em vários países, os mosquitos da espécie *Aedes albopictus* (TSETSARKIN, 2011).

Esquema da partícula e mapa genômico do vírus Chikungunya



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: VIRALZONE. Alfavirus. [2022?]. Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/625>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Entre 2014 e 2018 ocorreu uma grande epidemia de Chikungunya na cidade de Boa Vista, capital de Roraima, onde foi possível verificar a substituição do genótipo viral inicialmente detectado.

Os primeiros casos na região foram confirmados como causados pelo genótipo Asiático, o qual foi rapidamente substituído pelo genótipo ECSA (East/Central/South/Africa), causador de uma grande epidemia na região.

O mesmo trabalho também demonstrou, utilizando abordagens filogeográficas epidemiológicas, que a origem da linhagem que se disseminou na Amazônia ocidental brasileira era a região nordeste do país, mais precisamente o estado da Bahia (Naveca).

Dados inicialmente obtidos através de vigilância genômica levantaram a hipótese – posteriormente comprovada – que a emergência global do vírus Chikungunya (CHIKV – família Togaviridae, gênero Alphavirus), iniciou em 2005, principalmente, por conta de uma mutação adaptativa (A226V) na glicoproteína de envelope E1, a qual permitiu que o vírus utilizasse um novo vetor epidêmico em vários países, os mosquitos da espécie *Aedes albopictus* (TSETSARKIN, 2011).

[Imagem 1]

Entre 2014 e 2018 ocorreu uma grande epidemia de Chikungunya na cidade de Boa Vista, capital de Roraima, onde foi possível verificar a substituição do genótipo viral inicialmente detectado.

Os primeiros casos na região foram confirmados como causados pelo genótipo Asiático, o qual foi rapidamente substituído pelo genótipo ECSA (East/Central/South/Africa), causador de uma grande epidemia na região.

O mesmo trabalho também demonstrou, utilizando abordagens filogeográficas epidemiológicas, que a origem da linhagem que se disseminou na Amazônia ocidental brasileira era a região nordeste do país, mais precisamente o estado da Bahia (Naveca).

[Título da imagem 2] Disseminação do vírus chikungunya do Estado da BA para RR

[Fonte da imagem 2] Fonte: NAVECA, Felipe. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Disseminação do vírus chikungunya do Estado da BA para RR



Fonte: NAVECA, Felipe. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.** Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

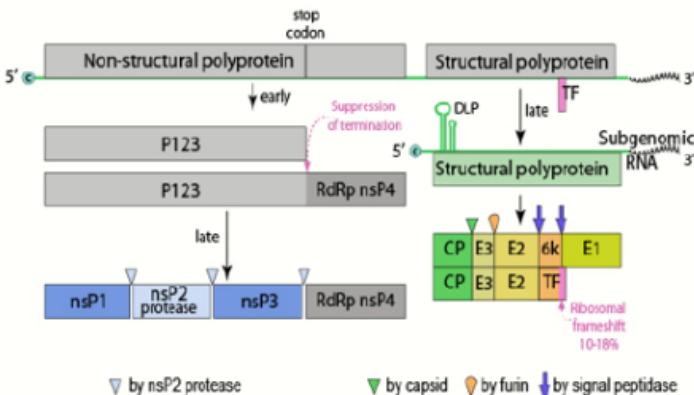
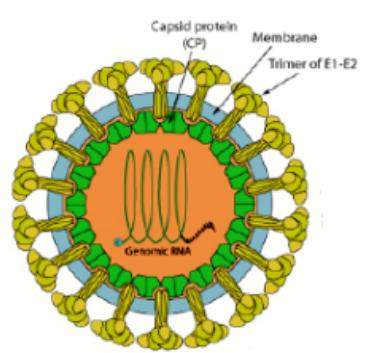
Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 2 – Chikungunya – Imagem 1

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 2 – Chikungunya – Imagem 1:

[Título da imagem] Esquema da partícula e mapa genômico do vírus Chikungunya

Capsid protein (CP)
Membrane
Trimer of E1-E2

Esquema da partícula e mapa genômico do vírus Chikungunya



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.** Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: VIRALZONE. Alfavírus. [2022?]. Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/625>. Acesso em: 1 fev. 2023.

stop codon
Non-structural polyprotein
early

Suppression
of termination

protease

Structural polyprotein
late
Subgenomic
Structural polyprotein

Ribosomal
frameshift

by nsP2 protease
by capsid
by furin
by signal peptidase

[Fonte da imagem 1] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.** Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: VIRALZONE. Alfavírus. [2022?]. Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/625>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 2 – Chikungunya – Palavra de glossário

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 2 – Chikungunya – Palavra de glossário:

Glossário

X

Filogeografia: Descrever sinais genéticos geograficamente estruturados dentro e entre espécies. este tipo de análise busca estruturar no tempo e no espaço os dados genéticos e epidemiológicos obtidos numa população, possibilitando identificar fatores socioambientais envolvidos na dispersão ou gravidade de um surto ou epidemia.

Fechar [X]

Glossário

Filogeografia: Descrever sinais genéticos geograficamente estruturados dentro e entre espécies. este tipo de análise busca estruturar no tempo e no espaço os dados genéticos e epidemiológicos obtidos numa população, possibilitando identificar fatores socioambientais envolvidos na dispersão ou gravidade de um surto ou epidemia.

[Botão] Fechar [X]

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 3 – Dengue

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 3 – Dengue:

Dengue / Aedes aegypt

[Título da imagem] Fêmea de Aedes aegypt após repasto sanguíneo

[Fonte da imagem] **Fonte:** James Gathany, *Aedes aegypti*.

CDC. *Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades* (2006). Disponível em: <https://phil.cdc.gov/Details.aspx?pid=9220>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Zika Chikungunya

Dengue

Febre Amarela

Mayaro

Oropouche

Dengue / *Aedes aegypt*

Fêmea de *Aedes aegypt* após repasto sanguíneo



Fonte: James Gathany, *Aedes aegypti*. CDC. Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (2006). Disponível em: <https://phil.cdc.gov/Details.aspx?pid=9220>. Acesso em: 1 fev. 2023.

O vírus Dengue (DENV – família *Flaviviridae*, gênero *Flavivirus*) é o arbovírus de maior impacto na saúde pública mundial (Hafnia, 2022) e o mais bem estudado, sendo que o conhecimento sobre esse vírus é muitas vezes utilizado como base para entendermos a biologia de outros arbovírus, em especial aqueles pertencentes à mesma família viral. Sua transmissão se dá pela picada do mosquito *A. aegypt* contaminado, que funciona como vetor, transportando o vírus entre indivíduos doentes e saudáveis.

No entanto, mesmo para um vírus bem caracterizado como o DENV a Vigilância Genômica tem trazido maiores conhecimentos a respeito do que pode estar colaborando para a ocorrência das frequentes epidemias. Em 2019 houve uma epidemia causada pelo DENV, sorotipo 2, em diversos estados brasileiros. Análises filogenéticas mostraram-se tratar da disseminação de uma nova linhagem do genótipo III, também chamado de Asiático-American, introduzida no Brasil a partir do Caribe no início de 2014 (JESUS, 2019).

O vírus Dengue (DENV - família *Flaviviridae*, gênero *Flavivirus*) é o arbovírus de maior impacto na saúde pública mundial (Hafnia, 2022) e o mais bem estudado, sendo que o conhecimento sobre esse vírus é muitas vezes utilizado como base para entendermos a biologia de outros arbovírus, em especial aqueles pertencentes à mesma família viral. Sua transmissão se dá pela picada do mosquito *A. aegypt* contaminado, que funciona como vetor, transportando o vírus entre indivíduos doentes e saúes.

No entanto, mesmo para um vírus bem caracterizado como o DENV a Vigilância Genômica tem trazido maiores conhecimentos a respeito do que pode estar colaborando para a ocorrência das frequentes epidemias. Em 2019 houve uma epidemia causada pelo DENV, sorotipo 2, em diversos estados brasileiros. Análises filogenéticas mostraram se tratar da disseminação de uma nova linhagem do genótipo III, também chamado de Asiático-Americanano, introduzida no Brasil a partir do Caribe no início de 2014 (JESUS, 2019).

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 4 – Febre amarela

Características de alguns vírus com importância para saúde pública

Zika Chikungunya Dengue **Febre Amarela** Mayaro Oropouche

Febre amarela / YFV

Um estudo realizado com outro importante arbovírus, o vírus da Febre Amarela (YFV - família *Flaviviridae*, gênero *Flavivirus*), mostrou que duas linhagens do YFV circularam conjuntamente nas regiões sudeste e centro-oeste do Brasil entre os anos de 2015 e 2018.

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 4 – Febre amarela:

Febre amarela / YFV

Um estudo realizado com outro importante arbovírus, o vírus da Febre Amarela (YFV – família *Flaviviridae*, gênero *Flavivirus*), mostrou que duas linhagens do YFV circularam conjuntamente nas regiões sudeste e centro-oeste do Brasil entre os anos de 2015 e 2018.

[Título da imagem] Disseminação do vírus da Febre Amarela do Estado de Goiás para Minas Gerais

[Fonte da imagem] **Fonte:** NAVECA, Felipe. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. *In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Além disso, o surto ocorrido entre 2017-2018 foi causado por um vírus que se disseminou a partir do estado de Goiás, quase dois anos antes de sua detecção, chegando ao menos duas vezes em Minas Gerais. Esse resultado da vigilância genômica mostra que, se o vírus tivesse sido detectado mais precocemente,

Disseminação do vírus da Febre Amarela do Estado de Goiás para Minas Gerais



Fonte: NAVECA, Felipe. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Além disso, o surto ocorrido entre 2017-2018 foi causado por um vírus que se disseminou a partir do estado de Goiás, quase dois anos antes de sua detecção, chegando ao menos duas vezes em Minas Gerais. Esse resultado da vigilância genômica mostra que, se o vírus tivesse sido detectado mais precocemente, provavelmente haveria maior chance de vacinar a população sob risco, diminuindo o impacto da epidemia (DELATORRE, 2019).

provavelmente haveria maior chance de vacinar a população sob risco, diminuindo o impacto da epidemia (DELATORRE, 2019).

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular
Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios
Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 5 – Mayaro

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 5 – Mayaro:

Mayaro / MAYV

Mayaro / MAYV

Mosquitos transmissores do Vírus Mayaro (MAYV)



Fonte: Josué Damacena e Genilton José Vieira, *Haemagogus leucocelaenus*. Fiocruz (2019). Disponível em: <http://www.fiocruz.br/loc/cg/cgjava.exe/sys/start.htm?infoId=3244&sid=32&tpl=printerview>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Título da imagem] Mosquitos transmissores do Vírus Mayaro (MAYV)

[Fonte da imagem] Fonte: Josué Damacena e Genilton José Vieira, *Haemagogus leucocelaenus*. Fiocruz (2019). Disponível em: <http://www.fiocruz.br/loc/cg/cgjava.exe/sys/start.htm?infoId=3244&sid=32&tpl=printerview>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Outros arbovírus menos conhecidos também têm sido estudados utilizando ferramentas de vigilância genômica.

O vírus Mayaro (MAYV – família *Togaviridae*, gênero *Alphavirus*), é endêmico na região Amazônica e causa uma doença febril-arritogênica similar à febre chikungunya.

No entanto, como não faz parte da rotina diagnóstica da maioria dos laboratórios, deve estar sendo subdiagnosticado no país.

Estudos recentes mostram que esse vírus tem passado por processos evolutivos que envolvem a recombinação de genomas (MAVIAN, 2017). O impacto desse processo na epidemiologia da doença pelo MAYV é incerto, entretanto, é mais um exemplo de como a vigilância genômica aumenta nossa compreensão a respeito da evolução de um arbovírus.

Outros arbovírus menos conhecidos também têm sido estudados utilizando ferramentas de vigilância genômica.

O vírus Mayaro (MAYV - família *Togaviridae*, gênero *Alphavirus*), é endêmico na região Amazônica e causa uma doença febril-arritogênica similar à febre chikungunya.

No entanto, como não faz parte da rotina diagnóstica da maioria dos laboratórios, deve estar sendo subdiagnosticado no país.

Estudos recentes mostram que esse vírus tem passado por processos evolutivos que envolvem a recombinação de genomas (MAVIAN, 2017). O impacto desse processo na epidemiologia da doença pelo MAYV é incerto, entretanto, é mais um exemplo de como a vigilância genômica aumenta nossa compreensão a respeito da evolução de um arbovírus.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 6 – Oropouche

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 6 – Oropouche:

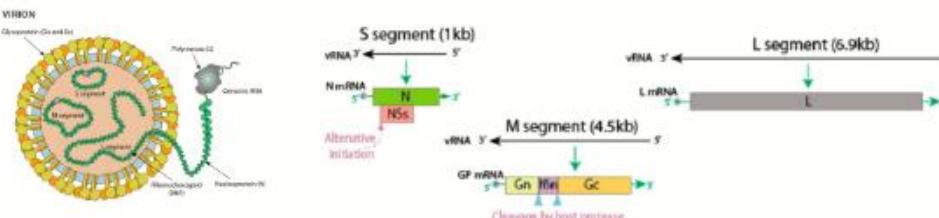
Oropouche / OROV

Outro exemplo da importância da vigilância genômica aplicada para os vírus emergentes ocorreu em casos de infecção pelo vírus Oropouche (OROV – família *Peribunyaviridae*, gênero *Orthobunyavirus*), cujo genoma possui três segmentos independentes (L, M e S), permitindo que esse vírus evolua também por um fenômeno chamado de reagrupamento (em inglês *reassortment*).

Nos casos em questão, o vírus foi encontrado, pela primeira vez, em diferentes espécimes biológicos, tais como saliva, urina, além do soro, que é utilizado na rotina diagnóstica [Nascimento].

Nesse caso, a caracterização genômica foi importante para comprovar que a doença era causada pelo vírus Oropouche clássico, e não por um dos diferentes isolados como os vírus Madre de Dios, Perdões e Iquitos, que também são membros da espécie *Oropouche orthobunyavirus*, mas diferem por possuir um segmento genômico M distinto do protótipo da espécie.

Esquema da partícula e mapa genômico do Vírus Oropouche



Fonte: VIRALZONE. Orthobunyavirus. [2022?]. Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/250>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Oropouche / OROV

Outro exemplo da importância da vigilância genômica aplicada para os vírus emergentes ocorreu em casos de infecção pelo vírus Oropouche (OROV – família *Peribunyaviridae*, gênero *Orthobunyavirus*), cujo genoma possui três segmentos independentes (L, M e S), permitindo que esse vírus evolua também por um fenômeno chamado de reagrupamento (em inglês *reassortment*).

Nos casos em questão, o vírus foi encontrado, pela primeira vez, em diferentes espécimes biológicos, tais como saliva, urina, além do soro, que é utilizado na rotina diagnóstica [Nascimento].

Nesse caso, a caracterização genômica foi importante para comprovar que a doença era causada pelo vírus Oropouche clássico, e não por um dos diferentes isolados como os vírus Madre de Dios, Perdões e Iquitos, que também são membros da espécie *Oropouche orthobunyavirus*, mas diferem por possuir um segmento genômico M distinto do protótipo da espécie.

[Imagem]

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular**Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios****Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 6 – Oropouche – Imagem**

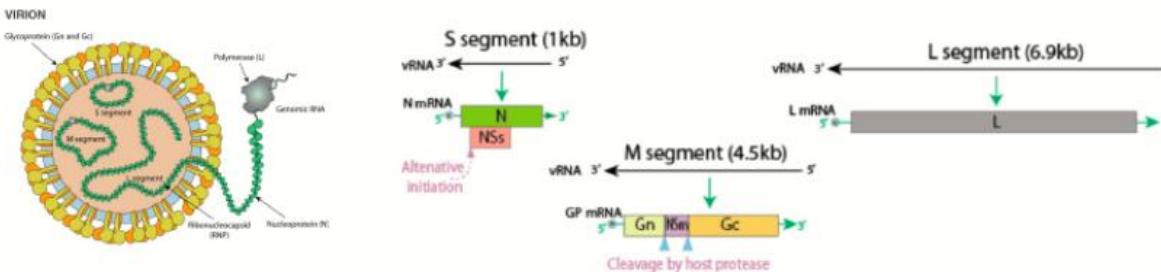
Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 1/4 – Caixa com abas – Aba 6 – Oropouche – Imagem:

[Título da imagem] Esquema da partícula e mapa genômico do Vírus Oropouche

VIRION

Glycoprotein (Gn and GC)

Esquema da partícula e mapa genômico do Vírus Oropouche



Fonte: VIRALZONE. *Orthobunyavirus*. [2022?]. Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/250>.

Acesso em: 1 fev. 2023.

Polymerase (L)

Genomic RNA

Ribonucleocapsid (RNP)

Nucleoprotein (N)

S segment

M segment

L segment

Cleavage by host protease

[Fonte da imagem] **Fonte:** VIRALZONE. *Orthobunyavirus*. [2022?].

Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/250>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 2/4

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Além da vigilância genômica específica para um determinado conjunto de vírus, a abordagem metagenômica tem permitido um avanço considerável no estudo dos arbovírus, uma vez que permite a caracterização detalhada, e sem vieses, do genoma dos arbovírus conhecidos.

Ademais, nos últimos anos diversos novos arbovírus têm sido descobertos a partir de insetos vetores, baseado na identificação de sequências genéticas similares à de genomas de vírus previamente conhecidos. Embora, o custo de uma utilização em larga escala ainda seja proibitivo, a utilização da metagenômica tem a principal vantagem de permitir a identificação de diferentes vírus, sem qualquer conhecimento prévio.

Todavia, uma correta caracterização de novos arbovírus deve ser completada com a integração da genômica e de métodos clássicos, como o isolamento em diferentes linhagens celulares (incluindo células de mamíferos), para identificar os vírus com maior potencial de infecção ao homem.

Outra abordagem que pode ser bastante interessante são os inquéritos soroepidemiológicos, os quais podem completar de maneira elegante, uma investigação de novos vírus identificados por abordagem metagenômica.

Métodos clássicos em virologia versus abordagem metagenômica

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 2/4:

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Além da vigilância genômica específica para um determinado conjunto de vírus, a abordagem metagenômica tem permitido um avanço considerável no estudo dos arbovírus, uma vez que permite a caracterização detalhada, e sem vieses, do genoma dos arbovírus conhecidos.

Ademais, nos últimos anos diversos novos arbovírus têm sido descobertos a partir de insetos vetores, baseado na identificação de sequências genéticas similares à de genomas de vírus previamente conhecidos. Embora, o custo de uma utilização em larga escala ainda seja proibitivo, a utilização da metagenômica tem a principal vantagem de permitir a identificação de diferentes vírus, sem qualquer conhecimento prévio.



Fonte: Angellodeco, ID 96339790, Adobe Stock, 2023.



Fonte: Teerayut, ID 557065462, Adobe Stock, 2023.

Todavia, uma correta caracterização de novos arbovírus deve ser completada com a integração da genômica e de métodos clássicos, como o isolamento em diferentes linhagens celulares (incluindo células de mamíferos), para identificar os vírus com maior potencial de infecção ao homem.

Outra abordagem que pode ser bastante interessante são os inquéritos soroepidemiológicos, os quais podem completar de maneira elegante, uma investigação de novos vírus identificados por abordagem metagenômica.

Métodos clássicos em virologia versus abordagem metagenômica

Fonte: Angellodeco, ID 96339790, Adobe Stock, 2023.

Fonte: Teerayut, ID 557065462, Adobe Stock, 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 3/4

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 3/4:

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Embora todos os exemplos citados anteriormente mostrem a importância da vigilância genômica dos arbovírus, é preciso ter o cuidado de recordar que não são somente as diferenças genéticas, identificadas durante o sequenciamento desses vírus, que estão por trás dos picos em casos, mas sim um fenômeno multifatorial. Variáveis ecológicas, socioeconômicas e ambientais estão diretamente envolvidas na prevalência dos vetores em determinadas regiões.

[Título da imagem 1] Aspectos multifatoriais que impactam no sequenciamento dos vírus

[Fonte da imagem 1] **Fonte:** NAVECA, Felipe. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.** Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Embora todos os exemplos citados anteriormente mostrem a importância da vigilância genômica dos arbovírus, é preciso ter o cuidado de recordar que não são somente as diferenças genéticas, identificadas durante o sequenciamento desses vírus, que estão por trás dos picos em casos, mas sim um fenômeno multifatorial. Variáveis ecológicas, socioeconômicas e ambientais estão diretamente envolvidas na prevalência dos vetores em determinadas regiões.



Por exemplo, existe uma marcada sazonalidade relacionada à uma maior abundância do principal vetor (*Aedes aegypti*) em algumas regiões do Brasil. Normalmente, existem mais vetores em períodos de maiores índices pluviométricos, seguidos de aumento de temperatura. Assim, fenômenos climáticos como *El Niño* e *La Niña* também podem afetar o tamanho e a duração de uma epidemia em regiões como a América do Sul e o Sudeste Asiático [Moraes].

Também é uma variável importante para o aumento de casos de arboviroses a eficiência das medidas de controle do vetor, tais como a eliminação de criadouros; a utilização de intervenções modernas como armadilhas de disseminação de larvicida (ABAD-FRANCH, 2017), ou, a introdução de mosquitos infectados com a bactéria Wolbachia, a qual interfere na replicação viral nos vetores, impedindo que eles possam transmitir os vírus.

[Fonte da imagem 2] **Fonte:** ABAD-FRANCH, Fernando; ZAMORA-PEREIRA, Elvira; LUZ, Sérgio L. B. Mosquito-Disseminated Insecticide for Citywide Vector Control and Its Potential to Block Arbovirus Epidemics: Entomological Observations and Modeling Results from Amazonian Brazil. **PLoS Medicine**, [S.I.], 2017. Disponível em: <http://surl.li/vlcipr>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Por exemplo, existe uma marcada sazonalidade relacionada à uma maior abundância do principal vetor (*Aedes aegypti*) em algumas regiões do Brasil. Normalmente, existem mais vetores em períodos de maiores índices pluviométricos, seguidos de aumento de temperatura. Assim, fenômenos climáticos como *El Niño* e *La Niña* também podem afetar o tamanho e a duração de uma epidemia em regiões como a América do Sul e o Sudeste Asiático [Moraes].

Também é uma variável importante para o aumento de casos de arboviroses a eficiência das medidas de controle do vetor, tais como a eliminação de criadouros; a utilização de intervenções modernas como armadilhas de disseminação de larvícida (ABAD-FRANCH, 2017), ou, a introdução de mosquitos infectados com a bactéria *Wolbachia*, a qual interfere na replicação viral nos vetores, impedindo que eles possam transmitir os vírus.



Fonte: ABAD-FRANCH, Fernando; ZAMORA-PEREIRA, Elvira; LUZ, Sérgio L. B. Mosquito-Disseminated Insecticide for Citywide Vector Control and Its Potential to Block Arbovirus Epidemics: Entomological Observations and Modeling Results from Amazonian Brazil. *PLoS Medicine*, [S.l.], 2017. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosmedicine/article?id=10.1371/journal.pmed.1002213>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 4/4 – Avaliação formativa 6

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 4/4 – Avaliação formativa 6:

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Avaliação Formativa 6

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Avaliação Formativa 6

Você concluiu esta tarefa

Imagine que você liderará uma missão para investigar um surto de doença febril hemorrágica em uma área rural de uma cidade no bioma da mata atlântica. Após 2 semanas do surto, desde os primeiros casos humanos, você chega ao local e os Agentes Comunitários de Saúde (ACS) e demais membros da população repassam a você uma série de informações.

Considerando o contexto e o conteúdo estudado, as primeiras ações a serem implementadas são:

- Entrevistas com a população local e ACS; coleta de amostras de sangue de todos os casos para testagem de RT-PCR para Febre Amarela; coleta de sangue de animais domésticos para sorologia.
- Entrevistas somente com os ACS ou com os profissionais que atenderam os casos, *para evitar possíveis vieses da população em geral*; coleta de amostras de sangue de todos os casos para testagem por RT-PCR para Febre Amarela e investigação metagenômica, a partir de todos os animais capturados na região.
- Coleta de material para sorologia, uma vez que os testes moleculares são muito caros. Dependendo dos resultados da sorologia, você recomendaria abordagem metagenômica.
- Entrevistas com representantes da comunidade, ACS, profissionais de saúde, pacientes recuperados, ou familiares; coleta de soro para testagem de anticorpos dos casos em fase convalescente e RT-PCR para Febre Amarela, dos casos agudos; iniciar investigação entomo-virológica e de possíveis primatas não humanos doentes ou mortos, e a investigação genômica para a caracterização do agente viral.

Responder

Imagine que você liderará uma missão para investigar um surto de doença febril hemorrágica em uma área rural de uma cidade no bioma da mata atlântica. Após 2 semanas do surto, desde os primeiros casos humanos, você chega ao local e os Agentes Comunitários de Saúde (ACS) e demais membros da população repassam a você uma série de informações. Considerando o contexto e o conteúdo estudado, as primeiras ações a serem implementadas são:

- () Entrevistas com a população local e ACS; coleta de amostras de sangue de todos os casos para testagem de RT-PCR para Febre Amarela; coleta de sangue de animais domésticos para sorologia.
- () Entrevistas somente com os ACS ou com os profissionais que atenderam os casos, *para evitar possíveis vieses da população em geral*; coleta de amostras de sangue de todos os casos para testagem por RT-PCR para Febre Amarela e investigação metagenômica, a partir de todos os animais capturados na região.
- () Coleta de material para sorologia, uma vez que os testes moleculares são muito caros. Dependendo dos resultados da sorologia, você recomendaria abordagem metagenômica.
- () Entrevistas com representantes da comunidade, ACS, profissionais de saúde, pacientes recuperados, ou familiares; coleta de soro para testagem de anticorpos dos casos em fase convalescente e RT-PCR para Febre Amarela, dos casos agudos; iniciar investigação entomo-virológica e de possíveis primatas não humanos doentes ou mortos, e a investigação genômica para a caracterização do agente viral.

[Botão] **Responder**

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 4/4 – Avaliação formativa 6 – Feedback correto

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Avaliação Formativa 6

Você concluiu esta tarefa

Imagine que você liderará uma missão para investigar um surto de doença febril hemorrágica em uma área rural de uma cidade no bioma da mata atlântica. Após 2 semanas do surto, desde os primeiros casos humanos, você chega ao local e os Agentes Comunitários de Saúde (ACS) e demais membros da população repassam a você uma série de informações. Considerando o contexto e o conteúdo estudado, as primeiras ações a serem implementadas são:

- Entrevistas com representantes da comunidade, ACS, profissionais de saúde, pacientes recuperados, ou familiares; coleta de soro para testagem de anticorpos dos casos em fase convalescente e RT-PCR para Febre Amarela, dos casos agudos; iniciar investigação entomo-virológica e de possíveis primatas não humanos doentes ou mortos, e a investigação genômica para a caracterização do agente viral.

Alternativa correta

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. Em casos assim é importante que o investigador colete as informações de diferentes fontes, uma vez que está claro que a primeira hipótese deve ser um surto de Febre Amarela (FA). Assim, a população pode, também, contribuir com informações a respeito da presença de Primatas não humanos (PNH) mortos na região. A coleta de amostras de soro deve ser realizada, mas deve haver o cuidado de direcionar essa amostra para o exame mais adequado, seja a pesquisa de anticorpos, ou RNA viral, a depender se é um caso convalescente ou agudo. A Investigação entomo-virológica, e de possíveis primatas não humanos, pode contribuir para a conclusão dos casos, especialmente se não houver caso agudo no momento da investigação. Finalmente, a investigação genômica deve ser realizada para elucidar dois pontos importantes: 1) se os exames preliminares confirmam FA será possível identificar a linhagem viral, a data de provável entrada do vírus na região e o caminho que este fez até chegar, comparando com os dados obtidos em outros surtos; 2) se os exames forem negativos para os patógenos virais cujos exames estão disponíveis, torna-se importante sugerir a investigação, ao menos dos casos agudos, por metagenômica, na tentativa de identificar outros possíveis vírus hemorrágicos, tais como arenavírus.

Fonte: OPS. Organización Panamericana de la Salud. Recomendaciones para la detección y el diagnóstico por laboratorio de infecciones por arbovírus en la Región de las Américas. Organização Mundial da Saúde, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/56321>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 4/4 – Avaliação formativa 6 – Feedback correto:

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Alternativa correta

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. Em casos assim é importante que o investigador colete as informações de diferentes fontes, uma vez que está claro que a primeira hipótese deve ser um surto de Febre Amarela (FA). Assim, a população pode, também, contribuir com informações a respeito da presença de Primatas não humanos (PNH) mortos na região. A coleta de amostras de soro deve ser realizada, mas deve haver o cuidado de direcionar essa amostra para o exame mais adequado, seja a pesquisa de anticorpos, ou RNA viral, a depender se é um caso convalescente ou agudo. A Investigação entomo-virológica, e de possíveis primatas não humanos, pode contribuir para a conclusão dos casos, especialmente se não houver caso agudo no momento da investigação. Finalmente, a investigação genômica deve ser realizada para elucidar dois pontos importantes: 1) se os exames preliminares confirmam FA será possível identificar a linhagem viral, a data de provável entrada do vírus na região e o caminho que este fez até chegar, comparando com os dados obtidos em outros surtos; 2) se os exames forem negativos para os patógenos virais cujos exames estão disponíveis, torna-se importante sugerir a investigação, ao menos dos casos agudos, por metagenômica, na tentativa de identificar outros possíveis vírus hemorrágicos, tais como arenavírus.

Fonte: OPS. Organización Panamericana de la Salud. Recomendaciones para la detección y el diagnóstico por laboratorio de infecciones por arbovírus en la Región de las Américas. Organização Mundial da Saúde, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/56321>. Acesso em: 22 fev. 2023.

[Mensagem] Parabéns você acertou essa questão!

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 4/4 – Avaliação formativa 6 – Feedback incorreto

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Avaliação Formativa 6

Você concluiu esta tarefa

Imagine que você liderará uma missão para investigar um surto de doença febril hemorrágica em uma área rural de uma cidade no bioma da mata atlântica. Após 2 semanas do surto, desde os primeiros casos humanos, você chega ao local e os Agentes Comunitários de Saúde (ACS) e demais membros da população repassam a você uma série de informações. Considerando o contexto e o conteúdo estudado, as primeiras ações a serem implementadas são:

- Entrevistas com a população local e ACS; coleta de amostras de sangue de todos os casos para testagem de RT-PCR para Febre Amarela; coleta de sangue de animais domésticos para sorologia.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A coleta de sangue, que será separada em soro ou plasma, para testagem por RT-PCR só adianta para os casos de fase aguda, normalmente até o 5º dia de sintomas. Para casos convalescentes, acima de 7 dias deve ser coletado para detecção de anticorpos em testes sorológicos.

Fonte: OPS. Organización Panamericana de la Salud. *Recomendaciones para la detección y el diagnóstico por laboratorio de infecciones por arbovirus en la Región de las Américas*. Organização Mundial da Saúde, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/56321>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 4/4 – Avaliação formativa 6 – Feedback incorreto:

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A coleta de sangue, que será separada em soro ou plasma, para testagem por RT-PCR só adianta para os casos de fase aguda, normalmente até o 5º dia de sintomas. Para casos convalescentes, acima de 7 dias deve ser coletado para detecção de anticorpos em testes sorológicos.

Fonte: OPS. Organización Panamericana de la Salud. *Recomendaciones para la detección y el diagnóstico por laboratorio de infecciones por arbovirus en la Región de las Américas*. Organização Mundial da Saúde, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/56321>. Acesso em: 22 fev. 2023.

[Botão] Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 4/4 – Avaliação formativa 6 – Feedback incorreto

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 4/4 – Avaliação formativa 6 – Feedback incorreto:

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. É importante ouvir todas as pessoas envolvidas no surto, sejam profissionais de saúde, ou moradores. Somente casos agudos devem ser testados por RT-PCR. A investigação metagenômica é de alto custo e não

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Avaliação Formativa 6

Você concluiu esta tarefa

Imagine que você liderará uma missão para investigar um surto de doença febril hemorrágica em uma área rural de uma cidade no bioma da mata atlântica. Após 2 semanas do surto, desde os primeiros casos humanos, você chega ao local e os Agentes Comunitários de Saúde (ACS) e demais membros da população repassam a você uma série de informações. Considerando o contexto e o conteúdo estudado, as primeiras ações a serem implementadas são:

- Entrevistas somente com os ACS ou com os profissionais que atenderam os casos, para evitar possíveis vieses da população em geral; coleta de amostras de sangue de todos os casos para testagem por RT-PCR para Febre Amarela e investigação metagenômica, a partir de todos os animais capturados na região.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. É importante ouvir todas as pessoas envolvidas no surto, sejam profissionais de saúde, ou moradores. Somente casos agudos devem ser testados por RT-PCR. A investigação metagenômica é de alto custo e não deve ser dirigida a todos os animais. Na verdade, primatas não humanos suspeitos devem ser testados por RT-PCR.

Fonte: OPS. Organización Panamericana de la Salud. *Recomendaciones para la detección y el diagnóstico por laboratorio de infecciones por arbovirus en la Región de las Américas*. Organización Mundial da Saúde, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/56321>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

deve ser dirigida a todos os animais. Na verdade, primatas não humanos suspeitos devem ser testados por RT-PCR.

Fonte: OPS. *Organización Panamericana de la Salud. Recomendaciones para la detección y el diagnóstico por laboratorio de infecciones por arbovirus en la Región de las Américas*. Organização Mundial da Saúde, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/56321>. Acesso em: 22 fev. 2023.

[Botão] Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Página 4/4 – Avaliação formativa 6 – Feedback incorreto

Conteúdo do Tópico: Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios – Página 4/4 – Avaliação formativa 6 – Feedback incorreto:

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. Destaca-se que não é o valor do teste que deve influenciar nesse caso, mas sim a fase quando foi coletado. A abordagem metagenômica poderia ser indicada para casos agudos, cuja etiologia não fosse confirmada por outros exames.

Vigilância Genômica dos arbovírus e dos vírus respiratórios

Avaliação Formativa 6

Você concluiu esta tarefa

Imagine que você liderará uma missão para investigar um surto de doença febril hemorrágica em uma área rural de uma cidade no bioma da mata atlântica. Após 2 semanas do surto, desde os primeiros casos humanos, você chega ao local e os Agentes Comunitários de Saúde (ACS) e demais membros da população repassam a você uma série de informações.

Considerando o contexto e o conteúdo estudado, as primeiras ações a serem implementadas são:

- Coleta de material para sorologia, uma vez que os testes moleculares são muito caros. Dependendo dos resultados da sorologia, você recomendaria abordagem metagenômica.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. Destaca-se que não é o valor do teste que deve influenciar nesse caso, mas sim a fase quando foi coletado. A abordagem metagenômica poderia ser indicada para casos agudos, cuja etiologia não fosse confirmada por outros exames.

Fonte: OPS. Organización Panamericana de la Salud. *Recomendaciones para la detección y el diagnóstico por laboratorio de infecciones por arbovirus en la Región de las Américas*. Organização Mundial da Saúde, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/56321>. Acesso em: 22 fev. 2023.

[Tentar novamente](#)

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Fonte: OPS. Organización Panamericana de la Salud. *Recomendaciones para la detección y el diagnóstico por laboratorio de infecciones por arbovirus en la Región de las Américas*. Organização Mundial da Saúde, [S.I.], 2022. Disponível em: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/56321>. Acesso em: 22 fev. 2023.

[Botão] Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 1/12

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

A ameaça de epidemias sazonais e pandemias causadas por vírus respiratórios persiste desafiando a população humana (ZUMLA *et al.* 2014; PIRET, BOIVIN 2020). Concomitantemente, também é desafiador o sistema de saúde lidar com surtos recorrentes de outros vírus respiratórios como: Vírus Sincicial Respiratório (VSR); Rinovírus; Adenovírus; Parainfluenza; Coronavírus sazonais; entre outros; e ainda, infecções respiratórias graves ou óbitos que permanecem com etiologia desconhecida.

Em todos esses casos a vigilância genômica pode ser uma ferramenta para auxiliar no melhor conhecimento do caso, no direcionamento das ações de investigação e no controle, como foi possível constatar na maioria dos casos exemplificativos aqui apresentados, a investigação do genoma permitiu a caracterização destes novos vírus.

Acompanhe esses casos no quadro e na linha do tempo a seguir, observando a doença, o ano e a região de ocorrência.

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 1/12:

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

A ameaça de epidemias sazonais e pandemias causadas por vírus respiratórios persiste desafiando a população humana (ZUMLA *et al.* 2014; PIRET, BOIVIN 2020). Concomitantemente, também é desafiador o sistema de saúde lidar com surtos recorrentes de outros vírus respiratórios como: Vírus Sincicial Respiratório (VSR); Rinovírus; Adenovírus; Parainfluenza; Coronavírus sazonais; entre outros; e ainda, infecções respiratórias graves ou óbitos que permanecem com etiologia desconhecida.

Novos vírus caracterizados a partir da investigação genômica

	Ano	Região
Síndrome pulmonar por Hantavírus, vírus sem nome (Centers for Disease and Prevention 1993)	1993	EUA
Influenza A H5N1 (Subbarao et al. 1998)	1997	Hong Kong
Influenza A H9N2 (Peiris et al. 1999)	1999	Hong Kong
Metapneumovírus humano (van den Hogen et al. 2001)	2001	Holanda
SARS coronavírus (Peiris et al. 2003; Ksiazek et al. 2003; Rota et al. 2003)	2003	Hong Kong
Coronavírus humano NL63 (van der Hoek et al. 2004)	2004	Holanda
Influenza A H7N7 (Koopmans et al. 2004)	2004	Holanda
Coronavírus humano HKU1 (Woo et al. 2004)	2005	China
Influenza A, H1 triplo rearranjo (Shinde et al. 2009; Newman et al. 2008)	2005	EUA

Em todos esses casos a vigilância genômica pode ser uma ferramenta para auxiliar no melhor conhecimento do caso, no direcionamento das ações de investigação e no controle, como foi possível constatar na maioria dos casos exemplificativos aqui apresentados, a investigação do genoma permitiu a caracterização destes novos vírus.

Acompanhe esses casos no quadro e na linha do tempo a seguir, observando a doença, o ano e a região de ocorrência.

[Tabela] Novos vírus caracterizados a partir da investigação genômica

Ano
Região

Síndrome pulmonar por Hantavírus, vírus sem nome
(Centers for Disease and Prevention 1993)

1993

EUA

Influenza A H5N1
(Subbarao et al. 1998)

1997

Hong Kong

Influenza A H9N2
(Peiris et al. 1999)

1999

Hong Kong

Metapneumovírus humano
(van den Hogen et al. 2001)

2001

Holanda

SARS coronavírus
(Peiris et al. 2003; Ksiazek et al. 2003; Rota et al. 2003)

2003

Hong Kong

Coronavírus humano NL63
(van der Hoek et al. 2004)

2004

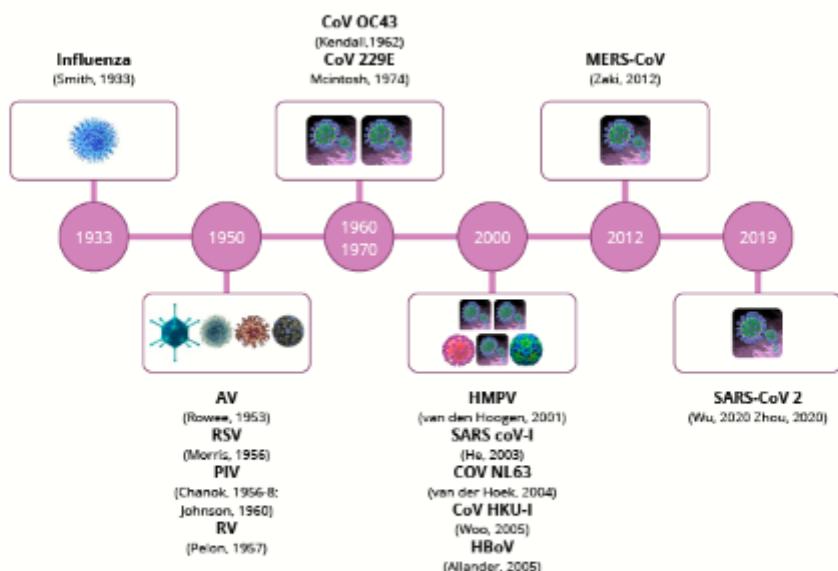
Holanda

Influenza A H7N7

Influenza A, H3N2 triplo rearranjo (Olsen <i>et al.</i> 2006)	2005	Canadá
Bocavirus (Allander <i>et al.</i> 2005)	2005	Suécia
Influenza A H1N1 pdm09 (Center for Disease Control and Prevention 2009)	2009	Mexico
Adenovirus 14 (Kajon <i>et al.</i> 2010)	2010	EUA
MERS-coronavirus (Zaki <i>et al.</i> 2012)	2012	Arabia Saudita
Influenza A H7N9 (Gao <i>et al.</i> 2013)	2013	China
SARS-CoV-2 (Zhu <i>et al.</i> 2020)	2019	China

(Koopmans et al. 2004)
2004 Holanda
Coronavírus humano
HKU1
(Woo et al. 2004)
2005
China
Influenza A, H1 triplo rearranjo
(Shinde et al. 2009; Newman et al. 2008)
2005
EUA
Influenza A, H3N2 triplo rearranjo
(Olsen et al. 2006)
2005
Canadá
Bocavirus
(Allander et al. 2005)
2005
Suécia
Influenza A H1N1 pdm09
(Center for Disease Control and Prevention 2009)
2009
Mexico
Adenovirus 14
(Kajon et al. 2010)
2010
EUA
MERS-coronavirus
(Zaki et al. 2012)
2012
Arabia Saudita
Influenza A H7N9
(Gao et al. 2013)
2013
China
SARS-CoV-2
(Zhu et al. 2020)
2019
China

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico



Fonte: RESENDE, Paola et al. *Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

[Imagem] Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Influenza
(Smith, 1933)

CoV OC43
(Kendall, 1962)
CoV 229E
(Mcintosh, 1974)

MERS-CoV
(Zaki, 2012)

1933

1950

1960

1970

2000

2012

2019

AV
(Rowe, 1953)
RSV
(Morris, 1956)
PIV
(Chanok, 1956-8;
Johnson, 1960)
RV
(Pelon, 1957)

HMPV
(Van Den Hoogen, 2001)
SARS coV-I
(He, 2003)
COV NL63
(Van Den Hoek, 2004)
CoV HKU-I
(Woo, 2005)
HBoV

(Allander, 2005)

SARS-CoV2
(Wu, 2020; Zhou, 2020)

[Fonte] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas vírais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

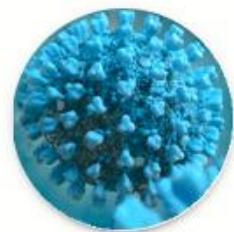
Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 2/12

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Conheça a importância da Vigilância Genômica nos diferentes agravos de infecção respiratória viral aguda!

Influenza



Fonte: dottedyeti, ID 322035464, Adobe Stock, 2023.

Clique para virar o card

SARS-CoV 2



Fonte: Damian, ID 332450508, Adobe Stock, 2023.

Clique para virar o card

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 2/12:

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Conheça a importância da Vigilância Genômica nos diferentes agravos de infecção respiratória viral aguda!

[Card] Influenza

[Fonte] **Fonte:** dottedyeti, ID 322035464, Adobe Stock, 2023.

[Comando] Clique para virar o card

[Card] SARS-CoV 2

[Fonte] **Fonte:** Damian, ID 332450508, Adobe Stock, 2023.

[Comando] Clique para virar o card

[Card] Outros Vírus Respiratórios

[Fonte] **Fonte:** Dr_Microbe, ID 552590949, Adobe Stock, 2023.

[Comando] Clique para virar o card

[Card] Desconhecido/Diferencial

Outros Vírus Respiratórios



Fonte: Dr_Microbe, ID 552590949, Adobe Stock, 2023.

Clique para virar o card

Desconhecido/Diferencial



Fonte: electriceye, ID 322778491, Adobe Stock, 2023.

Clique para virar o card

[Fonte] Fonte: electriceye, ID 322778491, Adobe Stock, 2023.

[Comando] Clique para virar o card

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 2/12 – Cards

Influenza

Fundamental para o **monitoramento genético** de **cepas/variantes** emergentes, para a comparação dos vírus em circulação com as cepas vacinais que irá auxiliar na revisão anual das cepas que compõem a vacina anual, investigação de cepas que possam escapar da resposta imune e apresentar resistência aos antivirais disponíveis.

Voltar

SARS-CoV 2

Monitoramento de **linhagens** ou **variantes** emergentes, monitoramento de resistência aos antivirais e observação de mutações associadas ao escape da resposta imune.

Voltar

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 2/12 – Cards virados:

[Card] Influenza

Fundamental para o **monitoramento genético** de **cepas/variantes** emergentes, para a comparação dos vírus em circulação com as cepas vacinais que irá auxiliar na revisão anual das cepas que compõem a vacina anual, investigação de cepas que possam escapar da resposta imune e apresentar resistência aos antivirais disponíveis.

[Comando] Voltar

[Card] SARS-CoV 2

Monitoramento de **linhagens** ou **variantes** emergentes, monitoramento de resistência aos antivirais e observação de mutações associadas ao escape da resposta imune.

[Comando] Voltar

[Card] Outros Vírus Respiratórios

Apesar de não apresentarem uma estratégia de prevenção e controle como vacinas e antivirais disponíveis, alguns deles como o Vírus Sincicial Respiratório (VSR) apresenta vacinas e antivirais em estágios avançados de estudos clínicos. Diante disso,

Outros Vírus Respiratórios

Apesar de não apresentarem uma estratégia de prevenção e controle como vacinas e antivirais disponíveis, alguns deles como o Vírus Sincicial Respiratório (VSR) apresenta vacinas e antivirais em estágios avançados de estudos clínicos. Diante disso, conhecer a **evolução** e as **características genômicas** destes vírus se faz necessário para auxiliar no desenvolvimento de vacinas e antivirais e para termos evidências científicas para quando essas estratégias forem implementadas.

[Voltar](#)

Desconhecido/Diferencial

Para investigar a emergência de novos vírus em casos com sintomatologia de Síndrome Respiratória Aguda Grave ou óbito, Vigilância Genômica como diagnóstico diferencial (estratégia metagenômica). Assim foi descoberto os casos de pneumonia aguda de origem desconhecida que ocorreram em Wuhan, China em dezembro de 2019 e levaram à descoberta do SARS-CoV-2 (ZHU *et al.* 2020)

[Voltar](#)

conhecer a **evolução** e as **características genômicas** destes vírus se faz necessário para auxiliar no desenvolvimento de vacinas e antivirais e para termos evidências científicas para quando essas estratégias forem implementadas.

[Comando] [Voltar](#)

[Card] Desconhecido/Diferencial

Para investigar a emergência de novos vírus em casos com sintomatologia de Síndrome Respiratória Aguda Grave ou óbito, Vigilância Genômica como diagnóstico diferencial (estratégia metagenômica). Assim foi descoberto os casos de pneumonia aguda de origem desconhecida que ocorreram em Wuhan, China em dezembro de 2019 e levaram à descoberta do SARS-CoV-2 (ZHU *et al.* 2020).

[Comando] [Voltar](#)

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 3/12

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 3/12:

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Alguns destes vírus respiratórios precisam de uma vigilância de rotina como o caso do SARS-CoV-2 e Influenza e apresentam programas de vigilância global, em que a vigilância genômica é uma das ferramentas.

[Card] Influenza

[Fonte] Fonte: FRENCH, Paul. Na pandemia de gripe de 1918, não usar máscara era ilegal em algumas partes da América. O que mudou?. CNN, [S.I.], 4 abr. 2020. Disponível em:

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Alguns destes vírus respiratórios precisam de uma vigilância de rotina como o caso do SARS-CoV-2 e Influenza e apresentam programas de vigilância global, em que a vigilância genômica é uma das ferramentas.

Influenza



[Clique para virar o card](#)

Fonte: FRENCH, Paul. Na pandemia de gripe de 1918, não usar máscara era ilegal em algumas partes da América. O que mudou?. CNN, [S.I.], 4 abr. 2020. Disponível em: <https://edition.cnn.com/2020/04/03/americas/flu-america-1918-masks-intl-hnk/index.html>. Acesso em: 1 fev. 2023.

SARS-CoV-2



[Clique para virar o card](#)

Fonte: AZEVEDO, Evelin. Covid: Máscara evita casos e mortes mesmo com 90% da população vacinada, mostra estudo. O Globo, [S.I.], 15 mar. 2022. Disponível em: <https://oglobo.globo.com/saude/ciencia/noticia/2022/03/covid-19-mascara-evita-casos-mortes-mesmo-com-90-da-populacao-vacinada-mostra-estudo-25432255.ghtml>. Acesso em: 1 fev. 2023.

<https://edition.cnn.com/2020/04/03/americas/flu-america-1918-masks-intl-hnk/index.html>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Comando] Clique para virar o card

[Card] SARS-CoV-2

[Fonte] Fonte: AZEVEDO, Evelin. Covid: Máscara evita casos e mortes mesmo com 90% da população vacinada, mostra estudo. O Globo, [S.I.], 15 mar. 2022. Disponível em: <https://oglobo.globo.com/saude/ciencia/noticia/2022/03/covid-19-mascara-evita-casos-mortes-mesmo-com-90-da-populacao-vacinada-mostra-estudo-25432255.ghtml>. Acesso em: 1 fev. 2023.

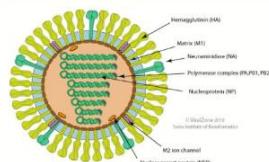
[Comando] Clique para virar o card

[Imagem 1]

[Imagem 2]

Influenza

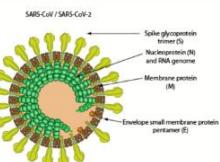
- Genoma segmentado
- RNA de fita simples e polaridade negativa - 2.5kb a 0.9kb
- Diferentes subtipos (H1N1, H3N2, H7N9 e outros)
- Diferentes cepas (Ex: H3N2 Darwin-like)



Fonte: VIRALZONE. Alphainfluenzavirus. [2022]. Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/>. Acesso em: 1 fev. 2023.

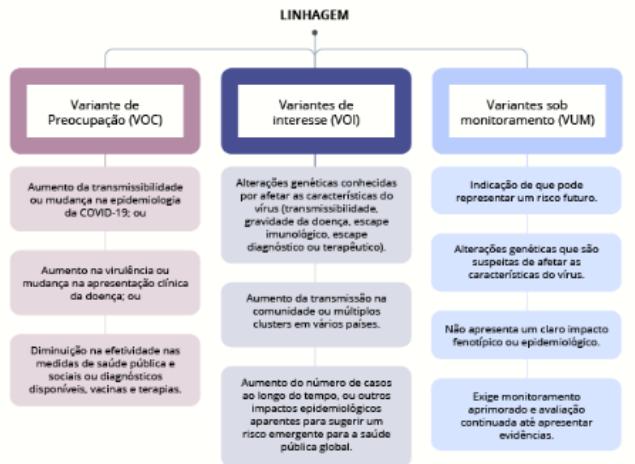
SARS-CoV-2

- Genoma linear
- RNA fita simples e polaridade positiva - 29kb
- Diferentes linhagens
- VOCs, VOIs e VUMs



Fonte: VIRALZONE. Betacoronavírus. [2022]. Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Conteúdo Complementar: Linhagem



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: COV-LIENAGES.ORG. In: Lista de Linhagem. [S.l.], [2022?]. Disponível em: https://cov-lineages.org/lineage_list.html. Acesso em: 1 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 3/12 – Cards

Influenza

Doença: Gripe ou Influenza

Circulação sazonal

Potencial pandêmico

~ 650 mil óbitos anuais (WHO, 2018)

Tratamento: antiviral Oselamivir e outros.

Prevenção: vacina anual e medidas não farmacológicas.

[Voltar](#)

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 3/12 – cards virados:

[Card] Influenza

Doença: Gripe ou Influenza

Circulação sazonal

Potencial pandêmico

~ 650 mil óbitos anuais (WHO, 2018)

Tratamento: antiviral Oselamivir e outros.

Prevenção: vacina anual e medidas não farmacológicas.

[Comando] Voltar

[Card] SARS-CoV-2

Doença: COVID-19

Vírus pandêmico

5.7 milhões de casos (em dois anos de pandemia)

Tratamento: em fase de testes

SARS-CoV-2

Doença: COVID-19

Vírus pandêmico

5.7 milhões de casos (em dois anos de pandemia)

Tratamento: em fase de testes

Prevenção: vacinas, antivirais e medidas não farmacológicas.

[Voltar](#)

Prevenção: vacinas, antivirais e medidas não farmacológicas.

[Comando] [Voltar](#)

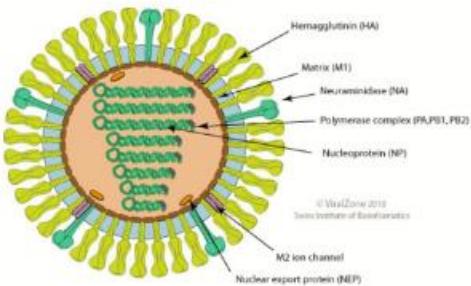
Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 3/12 – Imagem 1

Influenza

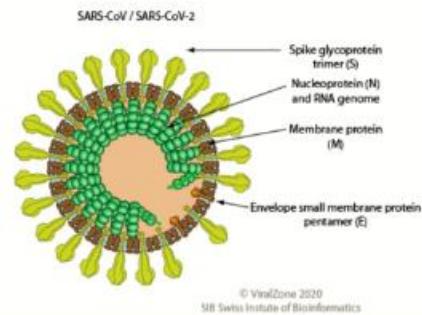
- Genoma segmentado
- RNA de fita simples e polaridade negativa - 2.5kb a 0.9kb
- Diferentes subtipos (H1N1, H3N2, H7N9 e outros)
- Diferentes cepas (Ex: H3N2 Darwin-like)



Fonte: VIRALZONE. Alphainfluenzavirus. [2022?]. Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/6>. Acesso em: 1 fev. 2023.

SARS-CoV-2

- Genoma linear
- RNA fita simples e polaridade positiva 29kb
- Diferentes linhagens
- VOCs, VOIs e VUMs



Fonte: VIRALZONE. Betacoronavírus. [2022?]. Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/764>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 3/12 – imagem 1:

[Título 1] Influenza

Genoma segmentado

RNA de fita simples e polaridade negativa – 2.5 kb a 0.9 kb

Diferentes subtipos (H1N1, H3N2, H7N9 e outros)

Diferentes cepas (Ex. H3N2 Darwin-like)

Hemagglutinin (HA)

Matrix (M1)

Neuraminidase (NA)

Polymerase complex (PA, PB1, PB2)

Nucleoprotein (NP)

M2 ion channel

Nuclear export protein (NEP)

[Fonte 1] Fonte: VIRALZONE. Alphainfluenzavirus. [2022?].

Disponível em: <https://viralzone.expasy.org/6>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Título 2] SARS-CoV-2

Genoma linear

RNA fita simples e polaridade positiva 29 kb

Diferentes linhagens

VOCs, VOIs e VUMs

	<p>Spike glycoprotein trimer (S)</p> <p>Nucleoprotein (N) and RNA genome</p> <p>Membrane protein (M)</p> <p>Envelope small membrane protein pentamer (E)</p> <p>[Fonte 2] Fonte: VIRALZONE. Betacoronavírus. [2022?]. Disponível em: https://viralzone.expasy.org/764. Acesso em: 1 fev. 2023.</p>
<p>Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular</p> <p>Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico</p> <p>Página 3/12 – Imagem 2</p>	<p>Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 3/12 – imagem 2:</p> <p>[Título] Conteúdo Complementar: Linhagem LINHAGEM</p> <p>Variante de Preocupação (VOC)</p> <p>Aumento da transmissibilidade ou mudança na epidemiologia da COVID-19; ou</p> <p>Aumento na virulência ou mudança na apresentação clínica da doença; ou</p> <p>Diminuição na efetividade das medidas de saúde pública e sociais ou diagnósticos disponíveis, vacinas e terapias.</p> <p>Variantes de interesse (VOI)</p> <p>Alterações genéticas conhecidas por afetar as características do vírus (transmissibilidade, gravidade da doença, escape imunológico, escape diagnóstico ou terapêutico).</p> <p>Aumento da transmissão na comunidade ou múltiplos clusters em vários países.</p>

Conteúdo Complementar: Linhagem



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. *In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.* Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: COV-LIENAGES.ORG. *In: Lista de Linhagem.* [S.I.], [2022?]. Disponível em: https://cov-lineages.org/lineage_list.html. Acesso em: 1 fev. 2023.

Aumento do número de casos ao longo do tempo, ou outros impactos epidemiológicos aparentes para sugerir um risco emergente para a saúde pública global.

Variante sob monitoramento (VUM)

Indicação de que pode representar um risco futuro.

Alterações genéticas que são suspeitas de afetar as características do vírus.

Não apresenta um claro impacto fenotípico ou epidemiológico.

Exige monitoramento aprimorado e avaliação continuada até apresentar evidências.

[Fonte] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. *In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.* Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: COV-LIENAGES.ORG. *In: Lista de Linhagem.* [S.I.], [2022?]. Disponível em: https://cov-lineages.org/lineage_list.html. Acesso em: 1 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 4/12

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Você sabia que a medida mais importante na prevenção da gripe é a vacinação, principalmente a população sob maior risco de doença grave e óbito? No Brasil, a vacina anti-influenza é oferecida pelo Ministério da Saúde desde 1999 a populações de risco, ou seja, mais propensa a desenvolver a forma grave da doença.

A vacina contra os vírus Influenza demonstrou reduzir as doenças relacionadas à gripe e o risco de complicações graves da gripe, que podem resultar em hospitalização ou mesmo morte. Além disso, também são recomendadas as medidas não farmacológicas para reduzir o risco de transmissão do vírus, tais como evitar aglomerações e contato estreito com pessoas doentes, etiqueta respiratória, higienização das mãos e uso de máscaras quando necessário.

Ações preventivas contra a infecção pelos vírus influenza



Fonte Imagem 1: Graficriver, ID 437402942, Adobe Stock, 2023.

Fonte Imagem 2: elenabsl, ID 318624380, Adobe Stock, 2023.

Fonte Imagem 3: 4zevar, ID 328352682, Adobe Stock, 2023.

Leitura Recomendada

[OPAS \(2020\) – PDF – 1,3 MB](#)

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 4/12:

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Você sabia que a medida mais importante na prevenção da gripe é a vacinação, principalmente a população sob maior risco de doença grave e óbito? No Brasil, a vacina anti-influenza é oferecida pelo Ministério da Saúde desde 1999 a populações de risco, ou seja, mais propensa a desenvolver a forma grave da doença.

A vacina contra os vírus Influenza demonstrou reduzir as doenças relacionadas à gripe e o risco de complicações graves da gripe, que podem resultar em hospitalização ou mesmo morte. Além disso, também são recomendadas as medidas não farmacológicas para reduzir o risco de transmissão do vírus, tais como evitar aglomerações e contato estreito com pessoas doentes, etiqueta respiratória, higienização das mãos e uso de máscaras quando necessário.

[Título] Ações preventivas contra a infecção pelos vírus influenza

Fonte Imagem 1: Graficriver, ID 437402942, Adobe Stock, 2023.

Fonte Imagem 2: elenabsl, ID 318624380, Adobe Stock, 2023.

Fonte Imagem 3: 4zevar, ID 328352682, Adobe Stock, 2023.

Leitura Recomendada

[OPAS \(2020\) – PDF – 1,3 MB](#)

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 5/12

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 5/12:

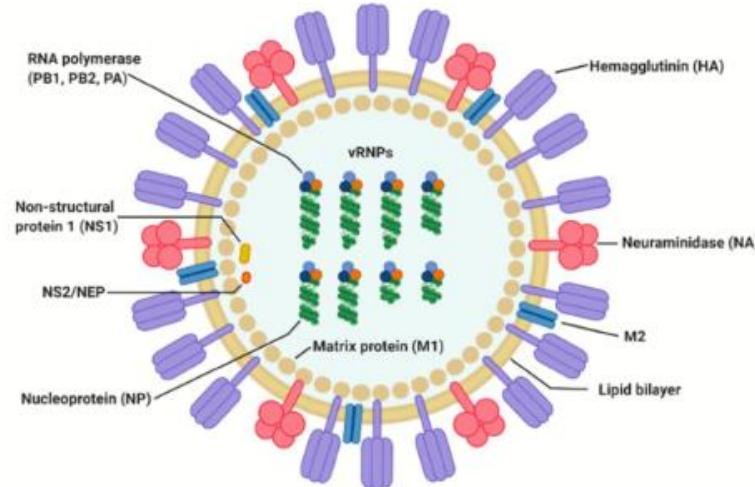
Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Os dois tipos de **influenza (A e B)** que causam epidemias sazonais possuem um genoma de oito segmentos gênicos de RNA. Estes genes contêm "instruções" para fazer novos vírus, espalhando assim a infecção. As proteínas de superfície de um

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Os dois tipos de **influenza (A e B)** que causam epidemias sazonais possuem **um genoma de oito segmentos gênicos de RNA**. Estes genes contêm "instruções" para fazer novos vírus, espalhando assim a infecção. As proteínas de superfície de um vírus influenza, **hemaglutinina (HA)** e **neuraminidase (NA)**, determinam propriedades importantes do vírus e estão incluídas na maioria das vacinas sazonais, razão pela qual esses dois genes e proteínas são analisadas mais de perto.

Esquema da partícula e mapa genômico dos Vírus INFLUENZA A e B



Fonte: Wikimedia Commons, Viruses-12-00504-001, (2023). Disponível em: <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Viruses-12-00504-g001.webp>. Acesso em: 01 fev. 2023.

As vacinas anti-influenza administradas pelo SUS são trivalentes particuladas contendo HA e NA de cepas dos subtipos de Influenza A H1N1 e H3N2 e um dos subtipos de influenza B, Victoria ou Yamagata. Existem também tetravalentes nas quais as duas cepas de Influenza B são inclusas. E ocasionalmente, podemos ter a administração de uma vacina monovalente como foi o caso da vacina de Influenza A H1N1 pandêmico administrada na campanha de 2010.

vírus influenza, **hemaglutinina (HA)** e **neuraminidase (NA)**, determinam propriedades importantes do vírus e estão incluídas na maioria das vacinas sazonais, razão pela qual esses dois genes e proteínas são analisadas mais de perto.

[Imagem]

As vacinas anti-influenza administradas pelo SUS são trivalentes particuladas contendo HA e NA de cepas dos subtipos de Influenza A H1N1 e H3N2 e um dos subtipos de influenza B, Victoria ou Yamagata. Existem também tetravalentes nas quais as duas cepas de Influenza B são inclusas. E ocasionalmente, podemos ter a administração de uma vacina monovalente como foi o caso da vacina de Influenza A H1N1 pandêmico administrada na campanha de 2010.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 5/12 – Imagem

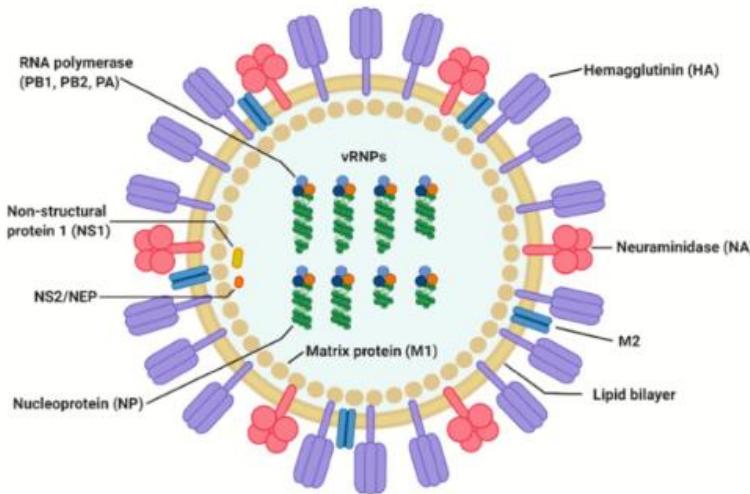
Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 5/12 – imagem:

[Título] Esquema da partícula e mapa genômico dos Vírus INFLUENZA A e B

vRNPs

Matrix protein (M1)

Esquema da partícula e mapa genômico dos Vírus INFLUENZA A e B



Fonte: Wikimedia Commons, Viruses-12-00504-001, (2023). Disponível em: <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Viruses-12-00504-g001.webp>. Acesso em: 01 fev. 2023.

RNA polymerase (PB1, PB2, PA)

Non-structural protein (NS1)

NS2/NEP

Nucleoprotein (NP)

Hemagglutinin (HA)

Neuraminidase (NA)

M2

Lipid bilayer

[Fonte] Fonte: Wikimedia Commons, Viruses-12-00504-001, (2023).

Disponível em:

<https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Viruses-12-00504-g001.webp>. Acesso em: 01 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 6/12

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 6/12:

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Os vírus da gripe acumulam mutações em uma velocidade considerável, o que favorece a sua alta variabilidade. O processo de acúmulo de mutações pontuais que ocorrem ao acaso é denominado de deriva genética (genetic drift), sendo muito comum em vírus RNA, como o Influenza.

Um outro mecanismo muito importante que contribui para a diversidade e evolução viral é a combinação de segmentos gênicos (rearranjo gênico). Esse evento pode ocorrer durante o processo de "empacotamento" do novo vírus, quando dois vírus diferentes infectam a mesma célula.

Dante dessas propriedades dos vírus Influenza, a vigilância genômica tem um papel indispensável, seja para identificarmos

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Os vírus da gripe acumulam mutações em uma velocidade considerável, o que favorece a sua alta variabilidade. O processo de acúmulo de mutações pontuais que ocorrem ao acaso é denominado de deriva genética (*genetic drift*), sendo muito comum em vírus RNA, como o Influenza.

Um outro mecanismo muito importante que contribui para a diversidade e evolução viral é a combinação de segmentos gênicos (rearranjo gênico). Esse evento pode ocorrer durante o processo de "empacotamento" do novo vírus, quando dois vírus diferentes infectam a mesma célula.

Diante dessas propriedades dos vírus Influenza, a vigilância genômica tem um papel indispensável, seja para identificarmos as principais variantes em circulação e definir a composição das vacinas anuais, seja para monitorar a eventual emergência de nova variante viral, para a qual a população seja completamente suscetível – portanto, com potencial pandêmico.

Aprofunde seu conhecimento a respeito das alterações do vírus a partir dos processos:

Mutações pontuais ou Drift

Rearranjo Gênico ou Shift Antigênico

 Leitura Complementar

[KIM; WEBSTER e WEBBY \(2017\)](#)

 Leitura Complementar

[COURA \(2015\)](#)

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 6/12 – Sanfona 1

as principais variantes em circulação e definir a composição das vacinas anuais, seja para monitorar a eventual emergência de nova variante viral, para a qual a população seja completamente suscetível – portanto, com potencial pandêmico.

Aprofunde seu conhecimento a respeito das alterações do vírus a partir dos processos:

[Sanfona 1] Mutações pontuais ou Drift

[Sanfona 2] Rearranjo Gênico ou Shift Antigênico

Leitura Complementar

[KIM; WEBSTER e WEBBY \(2017\)](#)

Leitura Complementar

[COURA \(2015\)](#)

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 6/12 – Sanfona 1:

Mutações pontuais ou Drift

Refere-se ao acúmulo evolutivo de substituições de aminoácidos em proteínas virais selecionadas pelo sistema imunológico adaptativo do hospedeiro à medida que o vírus circula em uma população. O **drift antigênico** pode limitar substancialmente a duração da imunidade conferida pela infecção e a vacinação.

As proteínas de superfície HA e NA dos vírus influenza são "antígenos", o que significa que são reconhecidas pelo sistema imunológico e são capazes de desencadear uma resposta imune, incluindo a produção de anticorpos que podem bloquear a infecção. As mudanças associadas ao drift antigênico acontecem

- Mutações pontuais ou Drift

Refere-se ao acúmulo evolutivo de substituições de aminoácidos em proteínas virais selecionadas pelo sistema imunológico adaptativo do hospedeiro à medida que o vírus circula em uma população. O *drift antígenico* pode limitar substancialmente a duração da imunidade conferida pela infecção e a vacinação.

As proteínas de superfície HA e NA dos vírus influenza são "antígenos", o que significa que são reconhecidas pelo sistema imunológico e são capazes de desencadear uma resposta imune, incluindo a produção de anticorpos que podem bloquear a infecção. As mudanças associadas ao *drift antígenico* acontecem continuamente ao longo do tempo à medida que os vírus da gripe se replicam, ou seja, infectam um hospedeiro e fazem cópias de si mesmos. A maioria das vacinas contra a gripe são projetadas para atingir as proteínas/antígenos de superfície HA dos vírus da gripe.

As pequenas mudanças que ocorrem a partir dessas mutações pontuais geralmente produzem vírus que estão intimamente relacionados entre si, o que pode ser ilustrado por sua localização próxima em uma árvore filogenética. Os vírus da gripe que estão intimamente relacionados entre si geralmente têm propriedades antigênicas semelhantes. Isso significa que os anticorpos que seu sistema imunológico cria contra um vírus da gripe provavelmente reconhecerão e responderão a vírus da gripe antigenicamente semelhantes (isso é chamado de "proteção cruzada").

No entanto, as pequenas mudanças associadas ao *drift antígenico* podem se acumular ao longo do tempo e resultar em vírus que são antigenicamente diferentes (mais distantes na árvore filogenética). Também é possível que uma única mudança em um local particularmente importante no HA resulte em deriva antigênica. Quando ocorre a deriva antigênica, o sistema imunológico do corpo pode não reconhecer e prevenir doenças causadas pelos vírus da gripe mais recentes. Como resultado, uma pessoa torna-se suscetível à infecção da gripe novamente, pois a deriva antigênica alterou as propriedades antigênicas do vírus o suficiente para que os anticorpos existentes de uma pessoa não reconheçam e neutralizem os vírus da gripe mais recentes. A deriva antigênica é uma razão importante pela qual as pessoas podem contrair gripe mais de uma vez. A deriva também é a principal razão pela qual a composição das vacinas contra a gripe para uso nos hemisférios norte e sul é revisada anualmente e atualizada conforme necessário para acompanhar a evolução dos vírus da gripe.

continuamente ao longo do tempo à medida que os vírus da gripe se replicam, ou seja, infectam um hospedeiro e fazem cópias de si mesmos. A maioria das vacinas contra a gripe são projetadas para atingir as proteínas/antígenos de superfície HA dos vírus da gripe.

As pequenas mudanças que ocorrem a partir dessas mutações pontuais geralmente produzem vírus que estão intimamente relacionados entre si, o que pode ser ilustrado por sua localização próxima em uma árvore filogenética. Os vírus da gripe que estão intimamente relacionados entre si geralmente têm propriedades antigênicas semelhantes. Isso significa que os anticorpos que seu sistema imunológico cria contra um vírus da gripe provavelmente reconhecerão e responderão a vírus da gripe antigenicamente semelhantes (isso é chamado de "proteção cruzada").

No entanto, as pequenas mudanças associadas ao *drift antígenico* podem se acumular ao longo do tempo e resultar em vírus que são antigenicamente diferentes (mais distantes na árvore filogenética). Também é possível que uma única mudança em um local particularmente importante no HA resulte em deriva antigênica. Quando ocorre a deriva antigênica, o sistema imunológico do corpo pode não reconhecer e prevenir doenças causadas pelos vírus da gripe mais recentes. Como resultado, uma pessoa torna-se suscetível à infecção da gripe novamente, pois a deriva antigênica alterou as propriedades antigênicas do vírus o suficiente para que os anticorpos existentes de uma pessoa não reconheçam e neutralizem os vírus da gripe mais recentes. A deriva antigênica é uma razão importante pela qual as pessoas podem contrair gripe mais de uma vez. A deriva também é a principal razão pela qual a composição das vacinas contra a gripe para uso nos hemisférios norte e sul é revisada anualmente e atualizada conforme necessário para acompanhar a evolução dos vírus da gripe.

- Rearranjo Gênico ou Shift Antigênico

Outro tipo de mudança é chamado de "rearranjo gênico". O rearranjo é uma mudança abrupta e importante em um vírus Influenza A, resultando em novas proteínas HA e/ou novas HA e NA em vírus da gripe que infectam humanos.

A mudança antigênica pode resultar em um novo subtipo A da gripe. A mudança pode acontecer se um vírus da gripe de uma população animal ganhar a capacidade de infectar humanos. Esses vírus de origem animal podem conter combinações HA ou HA/NA que são suficientemente diferentes dos vírus humanos para que a maioria das pessoas não tenha imunidade ao novo (por exemplo, novo) vírus. Tal "mudança" ocorreu em 2009, quando um vírus H1N1 com genes de suíños norte-americanos, suíños euro-asiáticos, humanos e aves surgiu para infectar pessoas e se espalhar rapidamente, causando uma pandemia. Quando isso ocorre, a maioria das pessoas tem pouca ou nenhuma imunidade contra o novo vírus.

Enquanto os vírus da gripe mudam o tempo todo devido à *drift* antigênico, o rearranjo acontece com menos frequência. As pandemias de gripe ocorrem raramente; houve quatro pandemias de gripe nos últimos 100 anos. Os vírus do tipo A sofrem tanto *drift* quanto *shift* antigênico e são os únicos vírus da gripe conhecidos por causar pandemias, enquanto os vírus Influenza B mudam apenas pelo processo mais gradual de *shift* antigênico.

Rearranjo Gênico ou Shift Antigênico

Outro tipo de mudança é chamado de "rearranjo gênico". O rearranjo é uma mudança abrupta e importante em um vírus Influenza A, resultando em novas proteínas HA e/ou novas HA e NA em vírus da gripe que infectam humanos.

A mudança antigênica pode resultar em um novo subtipo A da gripe. A mudança pode acontecer se um vírus da gripe de uma população animal ganhar a capacidade de infectar humanos. Esses vírus de origem animal podem conter combinações HA ou HA/NA que são suficientemente diferentes dos vírus humanos para que a maioria das pessoas não tenha imunidade ao novo (por exemplo, novo) vírus. Tal "mudança" ocorreu em 2009, quando um vírus H1N1 com genes de suíños norte-americanos, suíños euro-asiáticos, humanos e aves surgiu para infectar pessoas e se espalhar rapidamente, causando uma pandemia. Quando isso ocorre, a maioria das pessoas tem pouca ou nenhuma imunidade contra o novo vírus.

Enquanto os vírus da gripe mudam o tempo todo devido à *drift* antigênico, o rearranjo acontece com menos frequência. As pandemias de gripe ocorrem raramente; houve quatro pandemias de gripe nos últimos 100 anos. Os vírus do tipo A sofrem tanto *drift* quanto *shift* antigênico e são os únicos vírus da gripe conhecidos por causar pandemias, enquanto os vírus Influenza B mudam apenas pelo processo mais gradual de *shift* antigênico.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 7/12 – Avaliação formativa 7

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 7/12 – Avaliação formativa 7:

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Avaliação Formativa 7

[Mensagem] Você não concluiu esta tarefa

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Avaliação Formativa 7

Você não concluiu esta tarefa

Dentre as viroses que acometem os seres humanos, temos as arboviroses. Essas doenças, transmitidas por insetos vetores, costumam ter ciclos endêmicos nos países tropicais e subtropicais. A porta de entrada dos arbovírus causadores de surtos sazonais pode ser investigada com a aplicação de estratégias de Vigilância Genômica.

Neste contexto, julgue as afirmativas a seguir com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para a falsa.

Escolha ▾

Na identificação do vírus Zika a partir de casos de microcefalia em bebês recém-nascidos no Nordeste do Brasil em 2015, foi possível inferir, por meio de Vigilância Genômica, que o vírus foi introduzido a partir da Polinésia Francesa.

Escolha ▾

A Vigilância Genômica, mesmo de arbovírus bem caracterizados, como o vírus Dengue, é importante para compreender a dinâmica das epidemias e entender a disseminação da doença.

Escolha ▾

Para arboviroses que dispõem de vacina, como a febre amarela, não há necessidade de realização de detecção precoce da circulação viral para prevenção da doença.

Escolha ▾

São arboviroses as doenças transmitidas por insetos vetores e causadas pelos vírus Dengue, Zika, Rínovírus, Chikungunya.

Responder

Dentre as viroses que acometem os seres humanos, temos as arboviroses. Essas doenças, transmitidas por insetos vetores, costumam ter ciclos endêmicos nos países tropicais e subtropicais. A porta de entrada dos arbovírus causadores de surtos sazonais pode ser investigada com a aplicação de estratégias de Vigilância Genômica.

Neste contexto, julgue as afirmativas a seguir com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para a falsa.

[Opção] Escolha

Na identificação do vírus Zika a partir de casos de microcefalia em bebês recém-nascidos no Nordeste do Brasil em 2015, foi possível inferir, por meio de Vigilância Genômica, que o vírus foi introduzido a partir da Polinésia Francesa.

[Opção] Escolha

A Vigilância Genômica, mesmo de arbovírus bem caracterizados, como o vírus Dengue, é importante para compreender a dinâmica das epidemias e entender a disseminação da doença.

[Opção] Escolha

Para arboviroses que dispõem de vacina, como a febre amarela, não há necessidade de realização de detecção precoce da circulação viral para prevenção da doença.

[Opção] Escolha

São arboviroses as doenças transmitidas por insetos vetores e causadas pelos vírus Dengue, Zika, Rínovírus, Chikungunya.

[Botão] Responder

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 7/12 – Avaliação formativa 7 – Feedbacks corretos

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 7/12 – Avaliação formativa 7 – Feedbacks corretos:

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Você concluiu esta tarefa

Dentre as viroses que acometem os seres humanos, temos as arboviroses. Essas doenças, transmitidas por insetos vetores, costumam ter ciclos endêmicos nos países tropicais e subtropicais. A porta de entrada dos arbovírus causadores de surtos sazonais pode ser investigada com a aplicação de estratégias de Vigilância Genômica.

Neste contexto, julgue as afirmativas a seguir com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para a falsa.

V

Na identificação do vírus Zika a partir de casos de microcefalia em bebês recém-nascidos no Nordeste do Brasil em 2015, foi possível inferir, por meio de Vigilância Genômica, que o vírus foi introduzido a partir da Polinésia Francesa.

Alternativa correta

A Vigilância Genômica possibilitou inferir que o vírus Zika, identificado a partir dos casos de microcefalia em bebês recém-nascidos no Nordeste do Brasil em 2015, foi introduzida a partir da Polinésia Francesa.

Fonte: JESUS, Jaqueline Goes de et al. *Genomic detection of a virus lineage replacement event of dengue virus serotype 2 in Brazil*, 2019. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, Rio de Janeiro/RJ, v. 115, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/mioc/a/GHKc6RS5VyJmCKmsBYgCgt/?lang=en#>. Acesso em: 1 fev. 2023.

V

A Vigilância Genômica, mesmo de arbovírus bem caracterizados, como o vírus Dengue, é importante para compreender a dinâmica das epidemias e entender a disseminação da doença.

Alternativa correta

A Vigilância Genômica é importante para compreender a dinâmica das epidemias e entender a disseminação da doença, inclusive dos arbovírus bem caracterizados.

Fonte: JESUS, Jaqueline Goes de et al. *Genomic detection of a virus lineage replacement event of dengue virus serotype 2 in Brazil*, 2019. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, Rio de Janeiro/RJ, v. 115, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/mioc/a/GHKc6RS5VyJmCKmsBYgCgt/?lang=en#>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa correta

A Vigilância Genômica possibilitou inferir que o vírus Zika, identificado a partir dos casos de microcefalia em bebês recém-nascidos no Nordeste do Brasil em 2015, foi introduzida a partir da Polinésia Francesa.

Fonte: JESUS, Jaqueline Goes de et al. *Genomic detection of a virus lineage replacement event of dengue virus serotype 2 in Brazil*, 2019. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, Rio de Janeiro/RJ, v. 115, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/mioc/a/GHKc6RS5VyJmCKmsBYgCgt/?lang=en#>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa correta

A Vigilância Genômica é importante para compreender a dinâmica das epidemias e entender a disseminação da doença, inclusive dos arbovírus bem caracterizados.

Fonte: JESUS, Jaqueline Goes de et al. *Genomic detection of a virus lineage replacement event of dengue virus serotype 2 in Brazil*, 2019. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, Rio de Janeiro/RJ, v. 115, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/mioc/a/GHKc6RS5VyJmCKmsBYgCgt/?lang=en#>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa correta

Não há garantia de cobertura vacinal de 100% da população e, como no surto de febre amarela entre 2017-2018, estudos de vigilância genômica mostraram o caminho da doença e a necessidade de detecção precoce para vacinar a população sob risco.

Fonte: GUERRA, Maria das Graças Vale Barbosa. **Abordagem das Arboviroses na População Ribeirinha**: Curso de Atenção à Saúde da População Ribeirinha. 1. ed. Manaus/AM: UEA, 2021. Disponível em: https://ares.unasus.gov.br/acervo/html/ARES/23858/1/E-book_Unidade_AbordagemDasArboviroses_Final_ISBN.pdf. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa correta

Rinovírus é um vírus respiratório, que não necessita de inseto vetor para sua transmissão.

F

Para arboviroses que dispõem de vacina, como a febre amarela, não há necessidade de realização de detecção precoce da circulação viral para prevenção da doença.

Alternativa correta

Não há garantia de cobertura vacinal de 100% da população e, como no surto de febre amarela entre 2017-2018, estudos de vigilância genômica mostraram o caminho da doença e a necessidade de detecção precoce para vacinar a população sob risco.

Fonte: GUERRA, Maria das Graças Vale Barbosa. *Abordagem das Arboviroses na População Ribeirinha*: Curso de Atenção à Saúde da População Ribeirinha. 1. ed. Manaus/AM: UEA, 2021. Disponível em: https://ares.unasus.gov.br/acervo/html/ARES/23858/1/E-book_Unidade_AbordagemDasArboviroses_Final_ISBN.pdf. Acesso em: 22 fev. 2023.

F

São arboviroses as doenças transmitidas por insetos vetores e causadas pelos vírus Dengue, Zika, Rínovírus, Chikungunya.

Alternativa correta

Rínovírus é um vírus respiratório, que não necessita de inseto vetor para sua transmissão.

Fonte: GUERRA, Maria das Graças Vale Barbosa. *Abordagem das Arboviroses na População Ribeirinha*: Curso de Atenção à Saúde da População Ribeirinha. 1. ed. Manaus/AM: UEA, 2021. Disponível em: https://ares.unasus.gov.br/acervo/html/ARES/23858/1/E-book_Unidade_AbordagemDasArboviroses_Final_ISBN.pdf. Acesso em: 22 fev. 2023.

Parabéns você acertou essa questão!

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular
Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico
Página 7/12 – Avaliação formativa 7 – Feedbacks incorretos

Fonte: GUERRA, Maria das Graças Vale Barbosa. *Abordagem das Arboviroses na População Ribeirinha*: Curso de Atenção à Saúde da População Ribeirinha. 1. ed. Manaus/AM: UEA, 2021. Disponível em: https://ares.unasus.gov.br/acervo/html/ARES/23858/1/E-book_Unidade_AbordagemDasArboviroses_Final_ISBN.pdf. Acesso em: 22 fev. 2023.

[Mensagem] Parabéns, você acertou essa questão

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 7/12 – Avaliação formativa 7 – Feedbacks incorretos:

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Alternativa incorreta

Não há garantia de cobertura vacinal de 100% da população e, como no surto de febre amarela entre 2017-2018, estudos de vigilância genômica mostraram o caminho da doença e a necessidade de detecção precoce para vacinar a população sob risco.

Você concluiu esta tarefa

Dentre as viroses que acometem os seres humanos, temos as arboviroses. Essas doenças, transmitidas por insetos vetores, costumam ter ciclos endêmicos nos países tropicais e subtropicais. A porta de entrada dos arbovírus causadores de surtos sazonais pode ser investigada com a aplicação de estratégias de Vigilância Genômica.

Neste contexto, julgue as afirmativas a seguir com "V" para a afirmativa verdadeira, e "F" para a falsa.

V

Para arboviroses que dispõem de vacina, como a febre amarela, não há necessidade de realização precoce da circulação viral para prevenção da doença.

Alternativa incorreta

Não há garantia de cobertura vacinal de 100% da população e, como no surto de febre amarela entre 2017-2018, estudos de vigilância genômica mostraram o caminho da doença e a necessidade de detecção precoce para vacinar a população sob risco.

Fonte: GUERRA, Maria das Graças Vale Barbosa. *Abordagem das Arboviroses na População Ribeirinha: Curso de Atenção à Saúde da População Ribeirinha*. 1. ed. Manaus/AM: UEA, 2021. Disponível em: https://ares.unasus.gov.br/acervo/html/ARES/23858/1/E-book_Unidade_AbordagemDasArboviroses_Final_ISBN.pdf. Acesso em: 22 fev. 2023.

F

Na identificação do vírus Zika a partir de casos de microcefalia em bebês recém-nascidos no Nordeste do Brasil em 2015, foi possível inferir, por meio de Vigilância Genômica, que o vírus foi introduzido a partir da Polinésia Francesa.

Alternativa incorreta

A Vigilância Genômica possibilitou inferir que o vírus Zika, identificado a partir dos casos de microcefalia em bebês recém-nascidos no Nordeste do Brasil em 2015, foi introduzida a partir da Polinésia Francesa.

Fonte: JESUS, Jaqueline Goes de et al. *Genomic detection of a virus lineage replacement event of dengue virus serotype 2 in Brazil*, 2019. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, Rio de Janeiro/RJ, v. 115, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/mioc/a/GHKc6RS5VyJJmCKmsBYgCgt/?lang=en#>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Fonte: GUERRA, Maria das Graças Vale Barbosa. *Abordagem das Arboviroses na População Ribeirinha: Curso de Atenção à Saúde da População Ribeirinha*. 1. ed. Manaus/AM: UEA, 2021. Disponível em: https://ares.unasus.gov.br/acervo/html/ARES/23858/1/E-book_Unidade_AbordagemDasArboviroses_Final_ISBN.pdf. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa incorreta

A Vigilância Genômica possibilitou inferir que o vírus Zika, identificado a partir dos casos de microcefalia em bebês recém-nascidos no Nordeste do Brasil em 2015, foi introduzida a partir da Polinésia Francesa.

Fonte: JESUS, Jaqueline Goes de et al. *Genomic detection of a virus lineage replacement event of dengue virus serotype 2 in Brazil*, 2019. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, Rio de Janeiro/RJ, v. 115, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/mioc/a/GHKc6RS5VyJJmCKmsBYgCgt/?lang=en#>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa incorreta

Rinovírus é um vírus respiratório, que não necessita de inseto vetor para sua transmissão.

Fonte: GUERRA, Maria das Graças Vale Barbosa. *Abordagem das Arboviroses na População Ribeirinha: Curso de Atenção à Saúde da População Ribeirinha*. 1. ed. Manaus/AM: UEA, 2021. Disponível em: https://ares.unasus.gov.br/acervo/html/ARES/23858/1/E-book_Unidade_AbordagemDasArboviroses_Final_ISBN.pdf. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa incorreta

A Vigilância Genômica é importante para compreender a dinâmica das epidemias e entender a disseminação da doença, inclusive dos arbovírus bem caracterizados.

Fonte: JESUS, Jaqueline Goes de et al. *Genomic detection of a virus lineage replacement event of dengue virus serotype 2 in Brazil*, 2019. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, Rio de Janeiro/RJ, v. 115, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/mioc/a/GHKc6RS5VyJJmCKmsBYgCgt/?lang=en#>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Botão] Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

V

São arboviroses as doenças transmitidas por insetos vetores e causadas pelos vírus Dengue, Zika, Rínovírus, Chikungunya.

Alternativa incorreta

Rínovírus é um vírus respiratório, que não necessita de inseto vetor para sua transmissão.

Fonte: GUERRA, Maria das Graças Vale Barbosa. *Abordagem das Arboviroses na População Ribeirinha: Curso de Atenção à Saúde da População Ribeirinha*. 1. ed. Manaus/AM: UDA, 2021. Disponível em: https://ares.unasus.gov.br/acervo/html/ARES/23858/1/E-book_Unidade_AbordagemDasArboviroses_Final_ISBN.pdf. Acesso em: 22 fev. 2023.

F

A Vigilância Genômica, mesmo de arbovírus bem caracterizados, como o vírus Dengue, é importante para compreender a dinâmica das epidemias e entender a disseminação da doença.

Alternativa incorreta

A Vigilância Genômica é importante para compreender a dinâmica das epidemias e entender a disseminação da doença, inclusive dos arbovírus bem caracterizados.

Fonte: JESUS, Jaqueline Goes de et al. *Genomic detection of a virus lineage replacement event of dengue virus serotype 2 in Brazil*, 2019. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, Rio de Janeiro/RJ, v. 115, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/i/mioc/a/GHKc6RS5VylJmCKmsBYgCgu/?lang=en#>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 8/12 – Atividade formativa

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 8/12 – Atividade formativa:

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Avaliação Formativa 8

Dentre os vários vírus respiratórios capazes de provocar doença nos seres humanos, podemos citar como exemplo os vírus Influenza. Eles se destacam pelos mecanismos de variabilidade genética que permitem, em muitos momentos, escaparem da resposta do sistema imunológico humano ou apresentarem uma redução de sensibilidade aos antivirais em uso, como o medicamento oseltamivir.

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Avaliação Formativa 8

Você concluiu esta tarefa

Dentre os vários vírus respiratórios capazes de provocar doença nos seres humanos, podemos citar como exemplo os vírus Influenza. Eles se destacam pelos mecanismos de variabilidade genética que permitem, em muitos momentos, escaparem da resposta do sistema imunológico humano ou apresentarem uma redução de sensibilidade aos antivirais em uso, como o medicamento oseltamivir.

A variabilidade genética destes vírus está associada a dois fenômenos conhecidos com *drift* e *shift* antigenicos. Estes dois fenômenos podem ser descritos, respectivamente, como:

- 1) alterações genéticas associadas às proteínas hemaglutinina e neuraminidase, decorrentes de erros durante a replicação viral; e, 2) alterações massivas e abruptas com a substituição de um ou mais genes inteiros por outros provenientes de outra amostra de Influenza, inclusive amostras animais.
- 1) alterações pontuais que ocorrem nas proteínas do complexo polimerase; e, 2) alterações genéticas decorrentes de erros durante a replicação do genoma viral.
- 1) substituição de um ou mais genes inteiros por outro proveniente de outra amostra de influenza; e, 2) Alterações pontuais que ocorrem nas proteínas do complexo polimerase.
- 1) alterações genéticas que podem ocorrer em qualquer parte do genoma, decorrentes de erros durante a replicação viral; e, 2) alterações massivas e abruptas com a substituição de um ou mais genes inteiros por outros provenientes de outra amostra de Influenza, inclusive amostras animais.
- 1) alterações genéticas decorrentes de erros durante a replicação do genoma viral; e, 2) alterações massivas e abruptas afetando os genes do complexo polimerase viral.

A variabilidade genética destes vírus está associada a dois fenômenos conhecidos com drift e shift antigenicos. Estes dois fenômenos podem ser descritos, respectivamente, como:

- (1) alterações genéticas associadas às proteínas hemaglutinina e neuraminidase, decorrentes de erros durante a replicação viral; e, 2) alterações massivas e abruptas com a substituição de um ou mais genes inteiros por outros provenientes de outra amostra de Influenza, inclusive amostras animais.
- (1) alterações pontuais que ocorrem nas proteínas do complexo polimerase; e, 2) alterações genéticas decorrentes de erros durante a replicação do genoma viral.
- (1) substituição de um ou mais genes inteiros por outro proveniente de outra amostra de influenza; e, 2) Alterações pontuais que ocorrem nas proteínas do complexo polimerase.
- (1) alterações genéticas que podem ocorrer em qualquer parte do genoma, decorrentes de erros durante a replicação viral; e, 2) alterações massivas e abruptas com a substituição de um ou mais genes inteiros por outros provenientes de outra amostra de Influenza, inclusive amostras animais.
- (1) alterações genéticas decorrentes de erros durante a replicação do genoma viral; e, 2) alterações massivas e abruptas afetando os genes do complexo polimerase viral.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 8/12 – Atividade formativa – Feedback correto

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 8/12 – Atividade formativa – Feedback correto:

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Alternativa correta

Você concluiu esta tarefa

Dentre os vários vírus respiratórios capazes de provocar doença nos seres humanos, podemos citar como exemplo os vírus Influenza. Eles se destacam pelos mecanismos de variabilidade genética que permitem, em muitos momentos, escaparem da resposta do sistema imunológico humano ou apresentarem uma redução de sensibilidade aos antivirais em uso, como o medicamento oseltamivir.

A variabilidade genética destes vírus está associada a dois fenômenos conhecidos com *drift* e *shift* antigenicos. Estes dois fenômenos podem ser descritos, respectivamente, como:

- 1) alterações genéticas associadas às proteínas hemaglutinina e neuraminidase, decorrentes de erros durante a replicação viral; e, 2) alterações massivas e abruptas com a substituição de um ou mais genes inteiros por outros provenientes de outra amostra de Influenza, inclusive amostras animais.
- 1) alterações pontuais que ocorrem nas proteínas do complexo polimerase; e, 2) alterações genéticas decorrentes de erros durante a replicação do genoma viral.
- 1) substituição de um ou mais genes inteiros por outro proveniente de outra amostra de influenza; e, 2) Alterações pontuais que ocorrem nas proteínas do complexo polimerase.
- 1) alterações genéticas que podem ocorrer em qualquer parte do genoma, decorrentes de erros durante a replicação viral; e, 2) alterações massivas e abruptas com a substituição de um ou mais genes inteiros por outros provenientes de outra amostra de Influenza, inclusive amostras animais.

Alternativa correta

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. O *drift* pode ser definido como o processo de acúmulo de mutações pontuais que ocorrem ao acaso, sendo muito comum em vírus RNA como o Influenza. Por sua vez, o *shift* Antigenico que contribui para a diversidade e evolução viral é a combinação de segmentos gênicos (rearranjo gênico), alterações massivas e abruptas com a substituição de um ou mais genes inteiros por outros provenientes de outra amostra de Influenza, inclusive amostras animais.

Fonte: COURA, José Rodrigues. *Dinâmica das doenças infecciosas e parasitárias*. 2. ed. rev. e atual. São Paulo/SP: Guanabara Koogan, 2015. 1173 p.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 8/12 – Atividade formativa – Feedbacks corretos

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. O *drift* pode ser definido como o processo de acúmulo de mutações pontuais que ocorrem ao acaso, sendo muito comum em vírus RNA como o Influenza. Por sua vez, o *shift* Antigenico que contribui para a diversidade e evolução viral é a combinação de segmentos gênicos (rearranjo gênico), alterações massivas e abruptas com a substituição de um ou mais genes inteiros por outros provenientes de outra amostra de Influenza, inclusive amostras animais.

Fonte: COURA, José Rodrigues. *Dinâmica das doenças infecciosas e parasitárias*. 2. ed. rev. e atual. São Paulo/SP: Guanabara Koogan, 2015. 1173 p.

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 8/12 – Atividade formativa – Feedbacks incorretos:

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. Lembre-se que o *shift* não está restrito apenas aos genes HA e NA.

- 1) alterações genéticas associadas às proteínas hemaglutinina e neuramidase, decorrentes de erros durante a replicação viral; e, 2) alterações massivas e abruptas com a substituição de um ou mais genes inteiros por outros provenientes de outra amostra de Influenza, inclusive amostras animais.

E Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. Lembre-se que o *shift* não está restrito apenas aos genes HA e NA.

Fonte: COURA, José Rodrigues. *Dinâmica das doenças infecciosas e parasitárias*. 2. ed. rev. e atual. São Paulo/SP: Guanabara Koogan, 2015. 1173 p.

- 1) alterações pontuais que ocorrem nas proteínas do complexo polimerase; e, 2) alterações genéticas decorrentes de erros durante a replicação do genoma viral.

E Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. Lembre-se que o *drift* caracteriza-se por alterações genéticas e não apenas aquelas que mudam as proteínas, além de não estar restrito aos genes do complexo polimerase.

Fonte: COURA, José Rodrigues. *Dinâmica das doenças infecciosas e parasitárias*. 2. ed. rev. e atual. São Paulo/SP: Guanabara Koogan, 2015. 1173 p.

- 1) substituição de um ou mais genes inteiros por outro proveniente de outra amostra de influenza; e, 2) Alterações pontuais que ocorrem nas proteínas do complexo polimerase.

E Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A definição inicial (substituição de um ou mais genes inteiros por outro proveniente de outra amostra de influenza) é de *shift* antígenico e não de *drift* como solicitado no enunciado. A definição seguinte é uma definição incorreta de *drift* e não de *shift*.

Fonte: COURA, José Rodrigues. *Dinâmica das doenças infecciosas e parasitárias*. 2. ed. rev. e atual. São Paulo/SP: Guanabara Koogan, 2015. 1173 p.

- 1) alterações genéticas decorrentes de erros durante a replicação do genoma viral; e, 2) alterações massivas e abruptas afetando os genes do complexo polimerase viral.

E Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. Apesar da definição de *drift* estar correta, a definição de *shift* está errada, pois a troca de genes pode acontecer com qualquer um dos oito genes dos vírus Influenza A.

Fonte: COURA, José Rodrigues. *Dinâmica das doenças infecciosas e parasitárias*. 2. ed. rev. e atual. São Paulo/SP: Guanabara Koogan, 2015. 1173 p.

Fonte: COURA, José Rodrigues. *Dinâmica das doenças infecciosas e parasitárias*. 2. ed. rev. e atual. São Paulo/SP: Guanabara Koogan, 2015. 1173 p.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. Lembre-se que o *drift* caracteriza-se por alterações genéticas e não apenas aquelas que mudam as proteínas, além de não estar restrito aos genes do complexo polimerase.

Fonte: COURA, José Rodrigues. *Dinâmica das doenças infecciosas e parasitárias*. 2. ed. rev. e atual. São Paulo/SP: Guanabara Koogan, 2015. 1173 p.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A definição inicial (substituição de um ou mais genes inteiros por outro proveniente de outra amostra de influenza) é de *shift* antígenico e não de *drift* como solicitado no enunciado. A definição seguinte é uma definição incorreta de *drift* e não de *shift*.

Fonte: COURA, José Rodrigues. *Dinâmica das doenças infecciosas e parasitárias*. 2. ed. rev. e atual. São Paulo/SP: Guanabara Koogan, 2015. 1173 p.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. Apesar da definição de *drift* estar correta, a definição de *shift* está errada, pois a troca de genes pode acontecer com qualquer um dos oito genes dos vírus Influenza A.

Fonte: COURA, José Rodrigues. *Dinâmica das doenças infecciosas e parasitárias*. 2. ed. rev. e atual. São Paulo/SP: Guanabara Koogan, 2015. 1173 p.

[Botão] Tentar novamente

Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

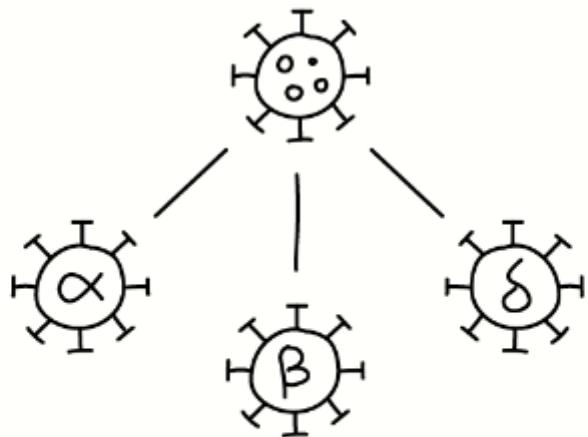
Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Os vírus da gripe A estão em constante mudança, tornando possível em ocasiões raras que os vírus da gripe não humana mudem de tal forma que possam infectar os seres humanos e se espalhar eficientemente de pessoa para pessoa.

Comparar os nucleotídeos de um gene de um vírus com o de um vírus diferente pode revelar variações entre os dois vírus.

Essas variações genéticas são importantes porque podem alterar os aminoácidos que compõem as proteínas do vírus influenza, resultando em mudanças estruturais na proteína e, assim, alterando as propriedades do vírus. Algumas dessas propriedades incluem a capacidade de evadir a imunidade humana, a disseminação entre as pessoas e a suscetibilidade a medicamentos antivirais. As mudanças nas proteínas podem vir na forma de substituições, inserções ou deleções de aminoácidos.

Exemplo de variações genéticas



Fonte: puruan, ID 479963028, Adobe Stock, 2023.

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 9/12:

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Os vírus da gripe A estão em constante mudança, tornando possível em ocasiões raras que os vírus da gripe não humana mudem de tal forma que possam infectar os seres humanos e se espalhar eficientemente de pessoa para pessoa.

Comparar os nucleotídeos de um gene de um vírus com o de um vírus diferente pode revelar variações entre os dois vírus.

Essas variações genéticas são importantes porque podem alterar os aminoácidos que compõem as proteínas do vírus influenza, resultando em mudanças estruturais na proteína e, assim, alterando as propriedades do vírus. Algumas dessas propriedades incluem a capacidade de evadir a imunidade humana, a disseminação entre as pessoas e a suscetibilidade a medicamentos antivirais. As mudanças nas proteínas podem vir na forma de substituições, inserções ou deleções de aminoácidos.

[Título] Exemplo de variações genéticas

[Fonte] Fonte: puruan, ID 479963028, *Adobe Stock*, 2023.

Uma pandemia de influenza é uma epidemia que acomete diferentes continentes e é decretada pela OMS. Ocorre pela emergência de um novo vírus influenza A, antigenicamente distinto dos vírus já estabelecidos na população humana, chamados de vírus sazonais. Observe, no quadro a seguir, mais detalhes a respeito dos eventos pandêmicos e o processo para designação e manejo das ações no processo de identificação da pandemia descritos resumidamente.

Uma pandemia de influenza é uma epidemia que acomete diferentes continentes e é decretada pela OMS. Ocorre pela emergência de um novo vírus influenza A, antigenicamente distinto dos vírus já estabelecidos na população humana, chamados de vírus sazonais. Observe, no quadro a seguir, mais detalhes a respeito dos eventos pandêmicos e o processo para designação e manejo das ações no processo de identificação da pandemia descritos resumidamente.

Fases	Descrição	Ações	Você sabia?
Fase Interpandêmica	O período entre pandemias de influenza.	Vigilância padrão	O último período interpanêmico iniciou-se em 11 de Agosto de 2010 com a declaração do fim da pandemia de 2009 pela OMS. Momento de tomada de decisão: retorno ao nível anterior ou prosseguimento para a fase pandêmica. No Brasil, existem planos nacionais, estaduais e mesmo em municípios de maior porte, visando o enfrentamento. Estes planos devem ser atualizados constantemente.
Fase de alerta	É a fase em que a gripe causada por um novo subtipo é identificada em humanos.	Incremento na vigilância; avaliação de risco local, nacional e global.	Fase de alerta É a fase em que a gripe causada por um novo subtipo é identificada em humanos. Incremento na vigilância; avaliação de risco local, nacional e global.
Fase pandêmica	É o período de disseminação global da gripe humana causada por um novo subtipo.	Execução dos planos para mitigação dos efeitos da pandemia.	Fase pandêmica É o período de disseminação global da gripe humana causada por um novo subtipo. Execução dos planos para mitigação dos efeitos da pandemia.
Fase de transição	À medida que o risco global diminui, deve ser avaliado o possível retorno ao nível interpandêmico.	Possível redução das ações globais de mitigação.	Fase de transição À medida que o risco global diminui, deve ser avaliado o possível retorno ao nível interpandêmico. Possível redução das ações globais de mitigação.

[Tabela]

Fases

Descrição

Ações

Fase Interpandêmica

O período entre pandemias de influenza.
Vigilância padrão

Fase de alerta

É a fase em que a gripe causada por um novo subtipo é identificada em humanos.

Incremento na vigilância; avaliação de risco local, nacional e global.

Fase pandêmica

É o período de disseminação global da gripe humana causada por um novo subtipo.

Execução dos planos para mitigação dos efeitos da pandemia.

Fase de transição

À medida que o risco global diminui, deve ser avaliado o possível retorno ao nível interpandêmico.

Possível redução das ações globais de mitigação.

Você sabia?

O último período interpanêmico iniciou-se em 11 de Agosto de 2010 com a declaração do fim da pandemia de 2009 pela OMS.

Momento de tomada de decisão: retorno ao nível anterior ou prosseguimento para a fase pandêmica.

No Brasil, existem planos nacionais, estaduais e mesmo em municípios de maior porte, visando o enfrentamento. Estes planos devem ser atualizados constantemente.

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

A caracterização genética dos vírus Influenza é realizada como parte da rotina de vigilância da gripe no Brasil e no mundo.

A vigilância global da gripe tem sido realizada por meio do Sistema Global de Vigilância e Resposta à Gripe da OMS (GISRS) desde 1952.

O GISRS é um sistema que promove a confiança global há mais de meio século, por meio de colaborações e compartilhamentos eficazes sobre os vírus, dados e benefícios com base no compromisso dos estados membros com um modelo global de saúde pública.

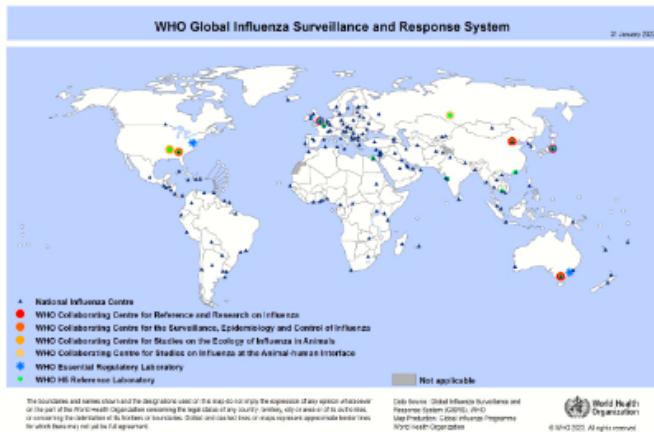
Países componentes do Sistema Global de Vigilância e Resposta à Influenza - GISRS



1952



GISRS 70th anniversary



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: SISTEMA Global de Vigilância e Resposta à Influenza (GISRS). Geneva: World Health Organization, [2022?]. Disponível em: <https://www.who.int/initiatives/global-influenza-surveillance-and-response-system>. Acesso em: 1 fev. 2023.

A missão do GISRS é proteger as pessoas da ameaça da gripe, funcionando continuamente como:

+ Atuação do GISRS

+ Conheça a abrangência do GISRS

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 10/12 - Imagem

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

A caracterização genética dos vírus Influenza é realizada como parte da rotina de vigilância da gripe no Brasil e no mundo.

A vigilância global da gripe tem sido realizada por meio do Sistema Global de Vigilância e Resposta à Gripe da OMS (GISRS) desde 1952.

O GISRS é um sistema que promove a confiança global há mais de meio século, por meio de colaborações e compartilhamentos eficazes sobre os vírus, dados e benefícios com base no compromisso dos estados membros com um modelo global de saúde pública.

[Imagem]

A missão do GISRS é proteger as pessoas da ameaça da gripe, funcionando continuamente como:

[Sanfona 1] Atuação do GISRS

[Sanfona 2] Conheça a abrangência do GISRS

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 10/12 – Imagem:

[Título] Países componentes do Sistema Global de Vigilância e Resposta à Influenza – GISRS

2022 –

Países componentes do Sistema Global de Vigilância e Resposta à Influenza - GISRS



1952



GISRS 70th anniversary

Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS, Fiocruz, 2023, baseada em: SISTEMA Global de Vigilância e Resposta à Influenza (GISRS). Geneva: World Health Organization, [2022?]. Disponível em: <https://www.who.int/initiatives/global-influenza-surveillance-and-response-system>. Acesso em: 1 fev. 2023.

7 WHOCCs

148 NICs/127 countries

4 WHO ERLs

13 WHO H5 Reference Laboratories

GISRS is a global network of 158 national institutions now

1952

GISRS

GLOBAL INFLUENZA SURVEILLANCE & RESPONSE SYSTEM

GISRS 70th anniversary

WHO Global Influenza Surveillance and Response System

1 January 2023

National Influenza Centre

WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza

WHO Collaborating Centre for the Surveillance, Epidemiology and Control of Influenza

WHO Collaborating Centre for Studies on the Ecology of Influenza in Animals

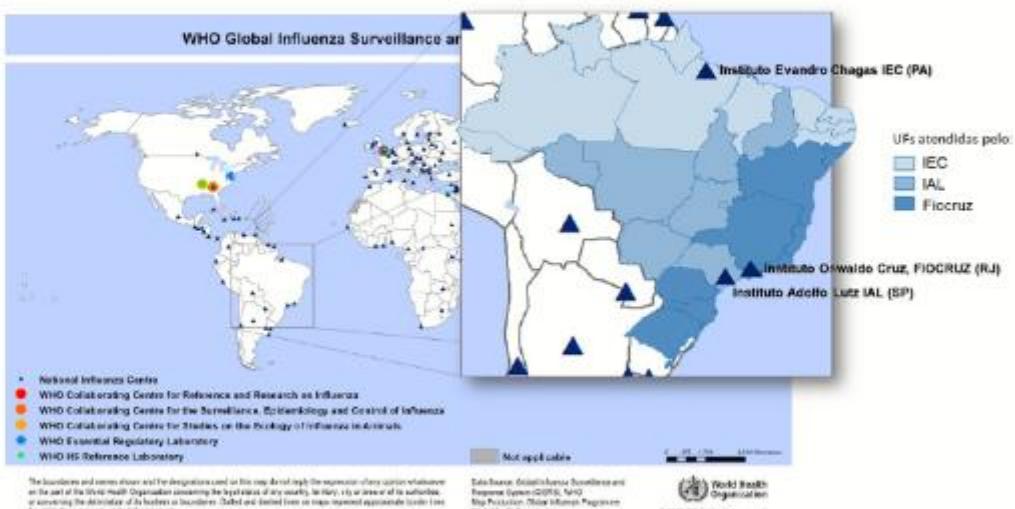
WHO Collaborating Centre for Studies on Influenza at the Animal-human Interface

	<p>WHO Essential Regulatory Laboratory</p> <p>WHO H5 Reference Laboratory</p> <p>Not applicable</p> <p>[Fonte] Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: <i>Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica</i>. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: SISTEMA Global de Vigilância e Resposta à Influenza (GISRS). Geneva: <i>World Health Organization</i>, [2022?]. Disponível em: https://www.who.int/initiatives/global-influenza-surveillance-and-response-system. Acesso em: 1 fev. 2023.</p>
<p>Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular</p> <p>Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico</p> <p>Página 10/12 – Sanfona 1</p> <p>Atuação do GISRS</p> <ul style="list-style-type: none"> ⓘ Mecanismo global de vigilância, preparação e resposta à gripe sazonal, pandêmica e zoonótica. ⓘ Plataforma global para monitorar a epidemiologia e a doença da gripe. ⓘ Alerta global para novos vírus da gripe e outros patógenos respiratórios. <p>Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: <i>Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica</i>. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.</p>	<p>Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 10/12 – Sanfona 1:</p> <p>Atuação do GISRS</p> <p>Mecanismo global de vigilância, preparação e resposta à gripe sazonal, pandêmica e zoonótica.</p> <p>Plataforma global para monitorar a epidemiologia e a doença da gripe.</p> <p>Alerta global para novos vírus da gripe e outros patógenos respiratórios.</p> <p>Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: <i>Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica</i>. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.</p>
<p>Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular</p> <p>Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico</p> <p>Página 10/12 – Sanfona 2</p>	<p>Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 10/12 – Sanfona 2:</p> <p>Conheça a abrangência do GISRS</p>

Conheça a abrangência do GISRS

Conheça os Laboratórios de referência regionais e nacionais para a gripe, da rede de vigilância de viroses respiratórias da Secretaria de Vigilância em Saúde do Ministério da Saúde - SVS/MS. Cada um dos três laboratórios serve como referência para Lacens em diferentes regiões, cobrindo todo o território nacional.

Centros Nacionais de Influenza do Brasil: IEC, IAL e Fiocruz



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseadas em: SISTEMA Global de Vigilância e Resposta à Influenza (GISRS). Geneva: World Health Organization, [2022?]. Disponível em: <https://www.who.int/initiatives/global-influenza-surveillance-and-response-system>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 11/12

Conheça os Laboratórios de referência regionais e nacionais para a gripe, da rede de vigilância de viroses respiratórias da Secretaria de Vigilância em Saúde do Ministério da Saúde - SVS/MS. Cada um dos três laboratórios serve como referência para Lacens em diferentes regiões, cobrindo todo o território nacional.

[Título da imagem] Centros Nacionais de Influenza do Brasil: IEC, IAL e Fiocruz

Instituto Evandro Chagas IEC (PA)

UFs atendidas pelo:

IEC

IAL

Fiocruz

Instituto Oswaldo Cruz, FIOCRUZ (RJ)

Instituto Adolfo Lutz IAL (SP)

[Fonte da imagem] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseadas em: SISTEMA Global de Vigilância e Resposta à Influenza (GISRS). Geneva: World Health Organization, [2022?]. Disponível em: <https://www.who.int/initiatives/global-influenza-surveillance-and-response-system>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 11/12:

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

A Fiocruz participa dessa rede representando o Brasil desde 1951 e integra juntamente com o Instituto Adolfo Lutz (IAL) e Instituto Evandro Chagas (IEC) o GISRS como Centro Nacional para Influenza (NIC), sigla NIC do inglês National Influenza Centre.

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

A Fiocruz participa dessa rede representando o Brasil desde 1951 e integra juntamente com o Instituto Adolfo Lutz (IAL) e Instituto Evandro Chagas (IEC) o GISRS como Centro Nacional para Influenza (NIC), sigla NIC do inglês *National Influenza Centre*. Clique na Leitura Recomendada e conheça a estrutura da rede de influenza nacional.

Os Laboratórios Centrais de Saúde Pública (LACENs) que se encontram nas 27 Unidades Federadas do Brasil se encarregam pela testagem por rt-PCR dos vírus Influenza e uma das parcelas destas amostras são enviadas aos NICs para os testes genotípicos e fenotípicos.

As amostras que chegam aos LACENs são provenientes de unidades sentinelas de síndrome gripal (SG) e também de casos de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG). De acordo com os critérios estabelecidos pelo Guia de Vigilância laboratorial de Influenza do Ministério da Saúde e em NOTA TÉCNICA Nº 70/2022-CGLAB/DAEVS/SVS/MS.

As informações que os NICs coletam ao estudar as alterações genéticas (também conhecidas como "substituições" ou "mutações") nos vírus influenza desempenham um importante papel de saúde pública, ajudando a determinar se vacinas e medicamentos antivirais funcionarão contra os vírus influenza em circulação, além de ajudar para determinar o potencial que vírus influenza detectados em animais possuem para infectar humanos.

O monitoramento acontece em nível global.

 Leitura Recomendada
[BRASIL \(2022\)](#) – PDF – 937 KB

 Leitura Recomendada
[BRASIL \(2016\)](#) – PDF – 2,3 MB

Clique na Leitura Recomendada e conheça a estrutura da rede de influenza nacional.

Os Laboratórios Centrais de Saúde Pública (LACENs) que se encontram nas 27 Unidades Federadas do Brasil se encarregam pela testagem por rt-PCR dos vírus Influenza e uma das parcelas destas amostras são enviadas aos NICs para os testes genotípicos e fenotípicos.

As amostras que chegam aos LACENs são provenientes de unidades sentinelas de síndrome gripal (SG) e também de casos de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG). De acordo com os critérios estabelecidos pelo Guia de Vigilância laboratorial de Influenza do Ministério da Saúde e em NOTA TÉCNICA Nº 70/2022-CGLAB/DAEVS/SVS/MS.

As informações que os NICs coletam ao estudar as alterações genéticas (também conhecidas como "substituições" ou "mutações") nos vírus influenza desempenham um importante papel de saúde pública, ajudando a determinar se vacinas e medicamentos antivirais funcionarão contra os vírus influenza em circulação, além de ajudar para determinar o potencial que vírus influenza detectados em animais possuem para infectar humanos.

O monitoramento acontece em nível global.

Leitura Recomendada
[BRASIL \(2022\)](#) – PDF – 937 KB

Leitura Recomendada
[BRASIL \(2016\)](#) – PDF – 2,3 MB

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular
Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico
Página 12/12 – Avaliação formativa 9

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 12/12 – Avaliação formativa 9:

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico
Avaliação Formativa 9

Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Avaliação Formativa 9

Você não concluiu esta tarefa

Uma pandemia de Influenza é uma epidemia que acomete diferentes continentes, decretada pela OMS. Tendo em vista as distintas fases de uma pandemia de Influenza, relacione cada uma destas fases às suas respectivas características, considerando:

1. Fase Interpandêmica;
2. Fase de Alerta;
3. Fase Pandêmica; e,
4. Fase de Transição.

Destaca-se que as fases podem ser associadas a mais de uma característica.

- Escolha _____. Momento de Tomada de Decisão: retorno ao nível anterior ou prosseguimento para a Fase Pandêmica.
- Escolha _____. É o período de disseminação global da gripe humana causada por um novo subtipo.
- Escolha _____. Vigilância padrão.
- Escolha _____. À medida que o risco global diminui, deve ser avaliado o possível retorno ao nível interpandêmico.
- Escolha _____. Incremento na Vigilância; avaliação de risco local, nacional e global.
- Escolha _____. O período entre pandemias de Influenza.

Responder

[Mensagem] Você não concluiu esta tarefa

Uma pandemia de Influenza é uma epidemia que acomete diferentes continentes, decretada pela OMS. Tendo em vista as distintas fases de uma pandemia de Influenza, relacione cada uma destas fases às suas respectivas características, considerando:

1. Fase Interpandêmica;
2. Fase de Alerta;
3. Fase Pandêmica; e,
4. Fase de Transição.

Destaca-se que as fases podem ser associadas a mais de uma característica.

Escolha

_____. Momento de Tomada de Decisão: retorno ao nível anterior ou prosseguimento para a Fase Pandêmica.

Escolha

_____. É o período de disseminação global da gripe humana causada por um novo subtipo.

Escolha

_____. Vigilância padrão.

Escolha

_____. À medida que o risco global diminui, deve ser avaliado o possível retorno ao nível interpandêmico.

Escolha

_____. Incremento na Vigilância; avaliação de risco local, nacional e global.

Escolha

_____. O período entre pandemias de Influenza.

[Botão] Responder

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular
Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico
Página 12/12 – Avaliação formativa 9 – Feedbacks corretos

Fase de Alerta

_____. Momento de Tomada de Decisão: retorno ao nível anterior ou prosseguimento para a Fase Pandêmica.

Alternativa correta

A Fase de Alerta é caracterizada pelo incremento da Vigilância e pela avaliação de risco local, nacional e global.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Fase Pandêmic

_____. É o período de disseminação global da gripe humana causada por um novo subtipo.

Alternativa correta

A Fase Pandêmica está relacionada ao período de disseminação global da gripe humana causada por um novo subtipo de vírus.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 12/12 – Avaliação formativa 9 – Feedbacks corretos:

Alternativa correta

A Fase de Alerta é caracterizada pelo incremento da Vigilância e pela avaliação de risco local, nacional e global.

Fonte: WHO, World Health Organization. **Pandemic Influenza Risk Management:** a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa correta

A Fase Pandêmica está relacionada ao período de disseminação global da gripe humana causada por um novo subtipo de vírus.

Fonte: WHO, World Health Organization. **Pandemic Influenza Risk Management:** a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Fase Interpanc

_____. Vigilância padrão.

Alternativa correta

A Fase Interpandêmica corresponde ao período entre pandemias de influenza.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Fase de Transi

_____. À medida que o risco global diminui, deve ser avaliado o possível retorno ao nível interpandêmico.

Alternativa correta

A Fase de Transição é caracterizada na medida que o risco global avaliado diminui, e que pode ocorrer uma desescalada das ações globais, e redução nas atividades de resposta ou o movimento em direção às ações de recuperação pelos países pode ser apropriada, de acordo com suas próprias avaliações de risco.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa correta

A Fase Interpandêmica corresponde ao período entre pandemias de influenza.

Fonte: WHO, World Health Organization. ***Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response***. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa correta

A Fase de Transição é caracterizada na medida que o risco global avaliado diminui, e que pode ocorrer uma desescalada das ações globais, e redução nas atividades de resposta ou o movimento em direção às ações de recuperação pelos países pode ser apropriada, de acordo com suas próprias avaliações de risco.

Fonte: WHO, World Health Organization. ***Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response***. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Fase de Alerta

..... Incremento na Vigilância; avaliação de risco local, nacional e global.

Alternativa correta

A Fase de Alerta é caracterizada pelo incremento da Vigilância e pela avaliação de risco local, nacional e global.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Fase Interpanc

..... O período entre pandemias de Influenza.

Alternativa correta

A Fase Interpandêmica corresponde ao período entre pandemias de influenza.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

① Parabéns você acertou essa questão!

Alternativa correta

A Fase de Alerta é caracterizada pelo incremento da Vigilância e pela avaliação de risco local, nacional e global.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa correta

A Fase Interpandêmica corresponde ao período entre pandemias de influenza.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

[Mensagem] Parabéns você acertou essa questão!

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico

Página 12/12 – Avaliação formativa 9 – Feedbacks incorretos

Conteúdo do Tópico: Alterações genéticas e mudanças de cenário epidemiológico – Página 12/12 – Avaliação formativa 9 – Feedbacks incorretos:

Alternativa incorreta

A Fase de Alerta é caracterizada pelo incremento da Vigilância e pela avaliação de risco local, nacional e global.

Fase Interpanc

_____. Incremento na Vigilância; avaliação de risco local, nacional e global.

Alternativa incorreta

A Fase de Alerta é caracterizada pelo incremento da Vigilância e pela avaliação de risco local, nacional e global.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Fase de Alerta

_____. O período entre pandemias de Influenza.

Alternativa incorreta

A Fase Interpandêmica corresponde ao período entre pandemias de influenza.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Fase de Alerta

_____. Vigilância padrão.

Alternativa incorreta

A Fase Interpandêmica corresponde ao período entre pandemias de influenza.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa incorreta

A Fase Interpandêmica corresponde ao período entre pandemias de influenza.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa incorreta

A Fase Interpandêmica corresponde ao período entre pandemias de influenza.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa incorreta

A Fase de Alerta é caracterizada pelo incremento da Vigilância e pela avaliação de risco local, nacional e global.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Fase Interpanc

_____. Momento de Tomada de Decisão: retorno ao nível anterior ou prosseguimento para a Fase Pandêmica.

Alternativa incorreta

A Fase de Alerta é caracterizada pelo incremento da Vigilância e pela avaliação de risco local, nacional e global.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Fase Interpanc

_____. À medida que o risco global diminui, deve ser avaliado o possível retorno ao nível interpandêmico.

Alternativa incorreta

A Fase de Transição é caracterizada na medida que o risco global avaliado diminui, e que pode ocorrer uma desescalada das ações globais, e redução nas atividades de resposta ou o movimento em direção às ações de recuperação pelos países pode ser apropriada, de acordo com suas próprias avaliações de risco.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Fase Interpanc

_____. É o período de disseminação global da gripe humana causada por um novo subtipo.

Alternativa incorreta

A Fase Pandêmica está relacionada ao período de disseminação global da gripe humana causada por um novo subtipo de vírus.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa incorreta

A Fase de Transição é caracterizada na medida que o risco global avaliado diminui, e que pode ocorrer uma desescalada das ações globais, e redução nas atividades de resposta ou o movimento em direção às ações de recuperação pelos países pode ser apropriada, de acordo com suas próprias avaliações de risco.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Alternativa incorreta

A Fase Pandêmica está relacionada ao período de disseminação global da gripe humana causada por um novo subtipo de vírus.

Fonte: WHO, World Health Organization. *Pandemic Influenza Risk Management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response*. World Health Organization: [S.I.], 2017, 62 p. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-WHE-IHM-GIP-017-1>. Acesso em: 22 fev. 2023.

[Botão] Tentar novamente. Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Os processos para a realização da Vigilância Genômica

Vacina antiinfluenza

Os laboratórios de saúde pública em todo o mundo têm sequenciado os segmentos genéticos dos vírus influenza desde a década de 1980.

Os NICs e Centros colaboradores de Influenza contribuem com sequências de genes para bancos de dados públicos, como GenBank e da Iniciativa Global para Compartilhamento de Dados da Gripe Aviária (GISAIID), para uso de pesquisadores e cientistas de saúde pública. As sequências depositadas nesses bancos de dados permitem que os pesquisadores comparem as **sequências** dos vírus influenza atualmente em circulação com os genes dos vírus influenza mais antigos e os usados em vacinas.

A caracterização genética é importante por vários motivos, para:

- determinar quão próximos os vírus da gripe "relacionados" ou semelhantes são geneticamente;
- monitorar como os vírus da gripe estão evoluindo ou mudando ao longo do tempo;
- identificar alterações genéticas que afetam as propriedades do vírus. Por exemplo, para identificar as alterações específicas associadas à propagação mais fácil do vírus da gripe, causando doenças mais graves ou desenvolvendo resistência a medicamentos antivirais;
- estimar a capacidade de uma determinada vacina contra a gripe proteger contra vírus da gripe circulantes na população, com base em sua semelhança genética com o vírus;
- monitorar as alterações genéticas nos vírus da gripe que circulam em populações de animais que podem permitir que eles infectem humanos.

Vacina antiinfluenza

Os laboratórios de saúde pública em todo o mundo têm sequenciado os segmentos genéticos dos vírus influenza desde a década de 1980.

Os NICs e Centros colaboradores de Influenza contribuem com sequências de genes para bancos de dados públicos, como GenBank e da Iniciativa Global para Compartilhamento de Dados da Gripe Aviária (GISAIID), para uso de pesquisadores e cientistas de saúde pública. As sequências depositadas nesses bancos de dados permitem que os pesquisadores comparem as sequências dos vírus influenza atualmente em circulação com os genes dos vírus influenza mais antigos e os usados em vacinas.

A caracterização genética é importante por vários motivos, para:

- determinar quão próximos os vírus da gripe "relacionados" ou semelhantes são geneticamente;
- monitorar como os vírus da gripe estão evoluindo ou mudando ao longo do tempo;
- identificar alterações genéticas que afetam as propriedades do vírus. Por exemplo, para identificar as alterações específicas associadas à propagação mais fácil do vírus da gripe, causando doenças mais graves ou desenvolvendo resistência a medicamentos antivirais;
- estimar a capacidade de uma determinada vacina contra a gripe proteger contra vírus da gripe circulantes na população, com base em sua semelhança genética com o vírus;
- monitorar as alterações genéticas nos vírus da gripe que circulam em populações de animais que podem permitir que eles infectem humanos.

Os processos para a realização da Vigilância Genômica

Vacina antiinfluenza

Os NICs realizam a caracterização genética dos vírus da gripe durante todo o ano. Esses dados genéticos são usados em conjunto com dados de caracterização antigênica de vírus e outros dados, como dados de sorologia humana, para embasar a OMS na determinação das cepas que serão incluídas na composição vacinal para o Hemisfério Norte e para o Hemisfério Sul.

A análise e a seleção são feitas duas vezes por ano para recomendar vírus vacinais tanto para o Hemisfério Norte quanto para o Hemisfério Sul. Nos meses que antecedem as reuniões de consulta de vacinas facilitadas pela OMS, onde as recomendações são feitas, os NICs e os Centros Colaboradores coletam os vírus da gripe por meio de vigilância e comparam as sequências dos genes HA e NA dos vírus da vacina atual com as dos vírus da gripe circulantes. Essa é uma das maneiras pelas quais os NICs e centros colaboradores avaliam o grau de parentesco entre os vírus circulantes da gripe e os vírus contra os quais a vacina contra a gripe sazonal foi formulada para proteger.

Às vezes, ao longo de uma temporada, os vírus da gripe circulantes mudam geneticamente de tal forma que são necessárias análises adicionais para determinar se eles permanecem antigenicamente semelhantes aos vírus da vacina atual ou se um novo vírus precisa ser incluído na vacina da próxima temporada de gripe.

Muitos outros dados, incluindo achados de caracterização antigênica e dados de sorologia humana, moldam as decisões de seleção de vacinas. A caracterização antigênica refere-se à análise da reação de um vírus com anticorpos para ajudar a avaliar como ele se relaciona com o vírus da vacina e outros vírus influenza circulantes.

Conheça as alterações da composição da vacina Antiinfluenza

 Leitura Recomendada
[BORN \(2013\) — PDF – 3,8 MB](#)

Os processos para a realização da Vigilância Genômica

Vacina antiinfluenza

Os NICs realizam a caracterização genética dos vírus da gripe durante todo o ano. Esses dados genéticos são usados em conjunto com dados de caracterização antigênica de vírus e outros dados, como dados de sorologia humana, para embasar a OMS na determinação das cepas que serão incluídas na composição vacinal para o Hemisfério Norte e para o Hemisfério Sul.

[Destaque] A análise e a seleção são feitas duas vezes por ano para recomendar vírus vacinais tanto para o Hemisfério Norte quanto para o Hemisfério Sul. Nos meses que antecedem as reuniões de consulta de vacinas facilitadas pela OMS, onde as recomendações são feitas, os NICs e os Centros Colaboradores coletam os vírus da gripe por meio de vigilância e comparam as sequências dos genes HA e NA dos vírus da vacina atual com as dos vírus da gripe circulantes. Essa é uma das maneiras pelas quais os NICs e centros colaboradores avaliam o grau de parentesco entre os vírus circulantes da gripe e os vírus contra os quais a vacina contra a gripe sazonal foi formulada para proteger.

Às vezes, ao longo de uma temporada, os vírus da gripe circulantes mudam geneticamente de tal forma que são necessárias análises adicionais para determinar se eles permanecem antigenicamente semelhantes aos vírus da vacina atual ou se um novo vírus precisa ser incluído na vacina da próxima temporada de gripe.

Muitos outros dados, incluindo achados de caracterização antigênica e dados de sorologia humana, moldam as decisões de seleção de vacinas. A caracterização antigênica refere-se à análise da reação de um vírus com anticorpos para ajudar a avaliar como ele se relaciona com o vírus da vacina e outros vírus influenza circulantes.

[Sanfona] Conheça as alterações da composição da vacina Antiinfluenza

Leitura Recomendada

[**BORN \(2013\) – PDF – 3,8 MB**](#)

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Os processos para a realização da Vigilância Genômica

Página 2/4 – SANFONA

- Conheça as alterações da composição da vacina Antiinfluenza

Devido a variação dos vírus influenza ao longo do tempo, faz-se crucial a alteração da composição da vacina de maneira que esta seja a mais atual possível, representando os vírus que circulam na comunidade. Na figura a seguir, podemos identificar todas as alterações em cada um dos três componentes da vacina antiinfluenza usada no Brasil de 2010 até 2022.

Cada novo vírus introduzido para um dos três tipos virais que compôs a vacina tríplice antiinfluenza representa uma nova formulação da vacina disponibilizada pelo SUS. O subtipo A(H3N2) é o que apresenta o maior número de mudanças ao longo do tempo. Destaca-se que entre 2010 e 2017 a vacina cepa de influenza B usada na vacina foi B/Brisbane/60/2008.

Conteúdo do Tópico: Os processos para a realização da Vigilância Genômica – Página 2/4 – Sanfona:

Conheça as alterações da composição da vacina Antiinfluenza

Devido a variação dos vírus influenza ao longo do tempo, faz-se crucial a alteração da composição da vacina de maneira que esta seja a mais atual possível, representando os vírus que circulam na comunidade. Na figura a seguir, podemos identificar todas as alterações em cada um dos três componentes da vacina antiinfluenza usada no Brasil de 2010 até 2022.

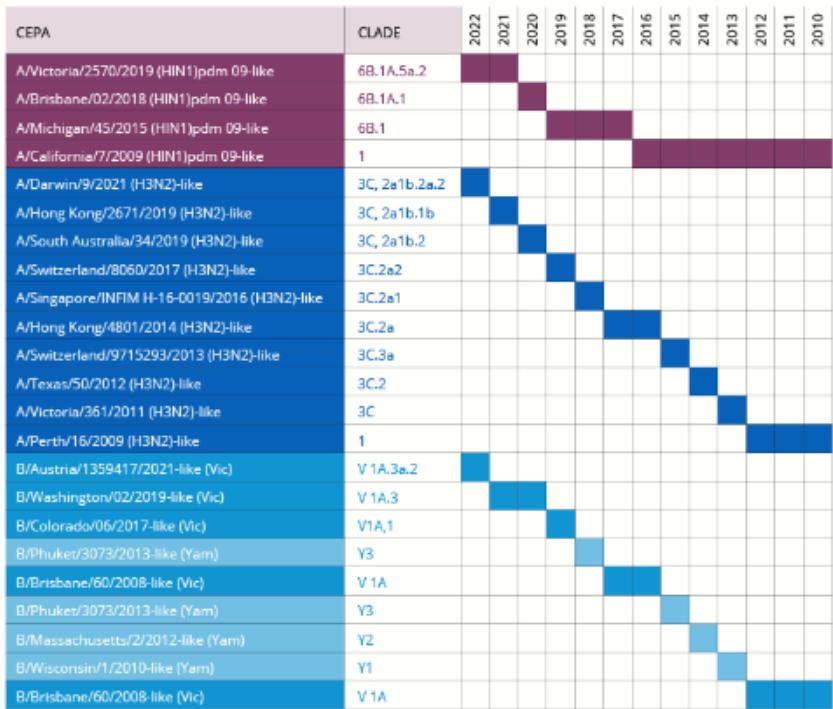
Cada novo vírus introduzido para um dos três tipos virais que compôs a vacina tríplice antiinfluenza representa uma nova formulação da vacina disponibilizada pelo SUS. O subtipo A(H3N2) é o que apresenta o maior número de mudanças ao longo do tempo. Destaca-se que entre 2010 e 2017 a vacina cepa de influenza B usada na vacina foi B/Brisbane/60/2008.

[Título da imagem] Revisões das cepas vacinais para o Hemisfério Sul nos últimos 12 anos

CEPA

CLADE

Revisões das cepas vacinais para o Hemisfério Sul nos últimos 12 anos



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS.

[Título da imagem] Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Os processos para a realização da Vigilância Genômica

Página 3/4

Conteúdo do Tópico: Os processos para a realização da Vigilância Genômica – Página 3/4:

Os processos para a realização da Vigilância Genômica

As diferenças genéticas entre um grupo de vírus da gripe podem ser mostradas organizando-as em um gráfico chamado "árvore filogenética".

[Destaque] As diferenças genéticas entre um grupo de vírus da gripe podem ser mostradas organizando-as em um gráfico chamado "árvore filogenética". As árvores filogenéticas são como árvores genealógicas para as pessoas. Essas árvores mostram como os vírus estão individualmente "relacionados"

Os processos para a realização da Vigilância Genômica

As diferenças genéticas entre um grupo de vírus da gripe podem ser mostradas organizando-as em um gráfico chamado "árvore filogenética".

As diferenças genéticas entre um grupo de vírus da gripe podem ser mostradas organizando-as em um gráfico chamado "árvore filogenética". As árvores filogenéticas são como árvores genealógicas para as pessoas. Essas árvores mostram como os vírus estão individualmente "relacionados" uns com os outros. Cada sequência de um vírus influenza específico tem seu próprio ramo na árvore. Os vírus são agrupados comparando as mudanças nos nucleotídeos na mesma posição do genoma. Onde os ramos se encontram, esses "nós" representam o ancestral comum dos vírus e indicam que os vírus compartilham sequências genéticas semelhantes. Vírus que compartilham um ancestral comum também podem ser descritos como pertencentes ao mesmo clado (grupo de sequências ligadas por um ancestral comum ou nó, na árvore filogenética). O grau de diferença genética (número de diferenças de nucleotídeos entre uma sequência e outra) é representada pelo comprimento das linhas horizontais (ramos) na árvore filogenética. Quanto mais distantes os vírus estiverem no eixo horizontal de uma árvore filogenética, mais geneticamente diferentes os vírus serão entre si.

As árvores filogenéticas dos vírus da gripe geralmente exibem como as sequências de nucleotídeos dos genes da hemaglutinina (HA) do vírus da vacina e dos vírus circulantes são semelhantes entre si.

Regularmente, todos os dados genéticos gerados são compilados em relatórios anuais que são enviados à OMS para a reunião da composição da vacina entre os meses de agosto e setembro.

Casos emergenciais são acompanhados de perto pelas equipes técnicas do Ministério da Saúde, pelos NICs, e pelos Laboratórios e Vigilância estaduais envolvidas nos casos, para investigação e tomada de ações. Entende-se como casos emergenciais:

- detecção de uma variante de Influenza A proveniente de origem animal;
- detecção de amostras resistentes ao antiviral Oseltamivir;
- aumento do número de casos e óbitos em uma determinada localidade;
- sazonalidade atípica.

uns com os outros. Cada sequência de um vírus influenza específico tem seu próprio ramo na árvore. Os vírus são agrupados comparando as mudanças nos nucleotídeos na mesma posição do genoma. Onde os ramos se encontram, esses "nós" representam o ancestral comum dos vírus e indicam que os vírus compartilham sequências genéticas semelhantes. Vírus que compartilham um ancestral comum também podem ser descritos como pertencentes ao mesmo clado (grupo de sequências ligadas por um ancestral comum ou nó, na árvore filogenética). O grau de diferença genética (número de diferenças de nucleotídeos entre uma sequência e outra) é representada pelo comprimento das linhas horizontais (ramos) na árvore filogenética. Quanto mais distantes os vírus estiverem no eixo horizontal de uma árvore filogenética, mais geneticamente diferentes os vírus serão entre si.

As árvores filogenéticas dos vírus da gripe geralmente exibem como as sequências de nucleotídeos dos genes da hemaglutinina (HA) do vírus da vacina e dos vírus circulantes são semelhantes entre si.

Regularmente, todos os dados genéticos gerados são compilados em relatórios anuais que são enviados à OMS para a reunião da composição da vacina entre os meses de agosto e setembro.

Casos emergenciais são acompanhados de perto pelas equipes técnicas do Ministério da Saúde, pelos NICs, e pelos Laboratórios e Vigilância estaduais envolvidas nos casos, para investigação e tomada de ações. Entende-se como casos emergenciais:

- detecção de uma variante de Influenza A proveniente de origem animal;
- detecção de amostras resistentes ao antiviral Oseltamivir;
- aumento do número de casos e óbitos em uma determinada localidade;
- sazonalidade atípica.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Os processos para a realização da Vigilância Genômica

Página 4/4 – Avaliação formativa 10

Os processos para a realização da Vigilância Genômica

Avaliação Formativa 10

① Você não concluiu esta tarefa

Sabe-se que a caracterização genética é importante por vários motivos, reflita a respeito deles e liste a seguir 03 motivos importantes para as sequências dos vírus influenza.

Digite sua resposta:

Digite sua resposta aqui

Max. 500 caracteres (0 usados)

Responder

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Os processos para a realização da Vigilância Genômica

Página 4/4 – Avaliação formativa 10 – Feedback

Conteúdo do Tópico: Os processos para a realização da Vigilância Genômica – Página 4/4 – Avaliação formativa 10:

Os processos para a realização da Vigilância Genômica

Avaliação Formativa 10

[Mensagem] Você não concluiu esta tarefa

Sabe-se que a caracterização genética é importante por vários motivos, reflita a respeito deles e liste a seguir 03 motivos importantes para as sequências dos vírus influenza.

[Comando] Digite sua resposta:

Max. 500 caracteres (0 usados)

[Campo] Digite sua resposta aqui

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Os processos para a realização da Vigilância Genômica

Página 4/4 – Avaliação formativa 10 – Feedback

Conteúdo do Tópico: Os processos para a realização da Vigilância Genômica – Página 4/4 – Avaliação formativa 10 – Feedback:

Comentários da Avaliação Formativa 10

A caracterização genética é importante por vários motivos, para:

- determinar quão próximos os vírus da gripe "relacionados" ou semelhantes são geneticamente;
- monitorar como os vírus da gripe estão evoluindo ou mudando ao longo do tempo;

E. Comentários da Avaliação Formativa 10

A caracterização genética é importante por vários motivos, para:

- determinar quão próximos os vírus da gripe "relacionados" ou semelhantes são geneticamente;
- monitorar como os vírus da gripe estão evoluindo ou mudando ao longo do tempo;
- identificar alterações genéticas que afetam as propriedades do vírus. Por exemplo, para identificar as alterações específicas associadas à propagação mais fácil do vírus da gripe, causando doenças mais graves ou desenvolvendo resistência a medicamentos antivirais;
- estimar a capacidade de uma determinada vacina contra a gripe proteger contra vírus da gripe circulantes na população, com base em sua semelhança genética com o vírus;
- monitorar as alterações genéticas nos vírus da gripe que circulam em populações de animais que podem permitir que eles infectem humanos.

Fonte: BORN, Priscila da Silva. *Análises Filogenéticas e Filogeográficas e os Vírus Influenza A(H3N2): Papel do Brasil no Cenário de Dispersão Global e Ajuste Temporal entre as Cepas Vacinais e os Vírus Circulantes no Período de 1999 a 2012.* 2013. 96 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Biologia Computacional e Sistemas) - Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro/RJ, 2013. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/7700>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Você respondeu essa questão!

- identificar alterações genéticas que afetam as propriedades do vírus. Por exemplo, para identificar as alterações específicas associadas à propagação mais fácil do vírus da gripe, causando doenças mais graves ou desenvolvendo resistência a medicamentos antivirais;
- estimar a capacidade de uma determinada vacina contra a gripe proteger contra vírus da gripe circulantes na população, com base em sua semelhança genética com o vírus;
- monitorar as alterações genéticas nos vírus da gripe que circulam em populações de animais que podem permitir que eles infectem humanos.

Fonte: BORN, Priscila da Silva. *Análises Filogenéticas e Filogeográficas e os Vírus Influenza A(H3N2): Papel do Brasil no Cenário de Dispersão Global e Ajuste Temporal entre as Cepas Vacinais e os Vírus Circulantes no Período de 1999 a 2012.* 2013. 96 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Biologia Computacional e Sistemas) - Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro/RJ, 2013. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/7700>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Mensagem] Você respondeu essa questão!

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo

Página 1/9 – Suporte teórico

Conteúdo do Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo – Página 1/9 – Suporte teórico:

Vigilância Virológica do Sarampo

Suporte Teórico

O sarampo é uma doença viral, aguda, altamente infecciosa, causada por um vírus da família Paramyxoviridae do gênero Morbillivirus que, apesar de possuir uma vacina eficaz há 5 décadas, ainda é responsável por aproximadamente 100.000 mortes anuais no mundo. **É um dos vírus mais infecciosos que conhecemos**, sendo que uma pessoa infectada pode transmitir para outras 16 pessoas que não apresentem imunidade/anticorpos ao vírus. Por comparação, uma pessoa

Vigilância Virológica do Sarampo

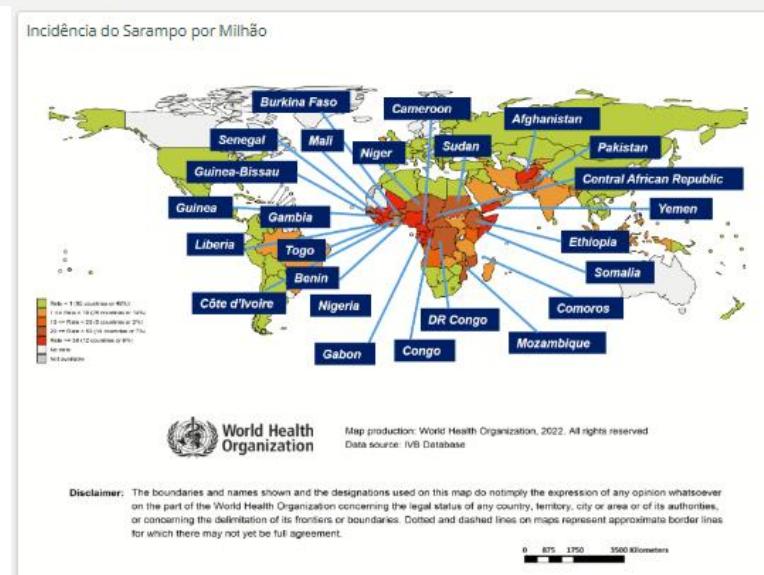
Suporte Teórico

O sarampo é uma doença viral, aguda, altamente infecciosa, causada por um vírus da família *Paramyxoviridae* do gênero *Morbillivirus* que, apesar de possuir uma vacina eficaz há 5 décadas, ainda é responsável por aproximadamente 100.000 mortes anuais no mundo. É um dos vírus mais infecciosos que conhecemos, sendo que uma pessoa infectada pode transmitir para outras 16 pessoas que não apresentem imunidade/anticorpos ao vírus. Por comparação, uma pessoa infectada com o vírus SARS-CoV-2, causador da COVID, pode infectar entre 2 a 4 pessoas dependendo da variante deste vírus.

Entre as doenças infecto-contagiosas, o sarampo foi uma das principais causas de morbimortalidade em menores de cinco anos, sendo ainda um problema de saúde pública, principalmente em crianças desnutridas que vivem em países subdesenvolvidos. Na década de 90, a OMS referia à ocorrência de mais de 45 milhões de casos de sarampo a cada ano, em todo o mundo, com cerca de um a dois milhões de mortes por ano, decorrentes das complicações da doença.

O sarampo tem grande impacto na saúde pública devido a severidade da doença e o aumento da susceptibilidade a infecções secundárias, resultante de uma combinação de má nutrição, comprometimento imune e a idade em que a infecção ocorre, podendo ocasionar complicações como otite média, pneumonia, diarréia, encefalite e morte.

A distribuição do sarampo é universal e endêmica em grandes conglomerados urbanos com epidemia, a cada 2 ou 4 anos. Essa ocorrência está na dependência do grau de imunidade e susceptibilidade da população. O sarampo é uma doença essencialmente humana não possuindo reservatório animal capaz de sustentar a transmissão, possui somente um sorotípo e uma vacina segura e eficaz, em decorrência disso foi incluída entre as doenças passíveis de erradicação.



infectada com o vírus SARS-CoV-2, causador da COVID, pode infectar entre 2 a 4 pessoas dependendo da variante deste vírus.

Entre as doenças infecto-contagiosas, o sarampo foi uma das principais causas de morbimortalidade em menores de cinco anos, sendo ainda um problema de saúde pública, principalmente em crianças desnutridas que vivem em países subdesenvolvidos. Na década de 90, a OMS referia à ocorrência de mais de 45 milhões de casos de sarampo a cada ano, em todo o mundo, com cerca de um a dois milhões de mortes por ano, decorrentes das complicações da doença.

[Destaque] O sarampo tem grande impacto na saúde pública devido a severidade da doença e o aumento da susceptibilidade a infecções secundárias, resultante de uma combinação de má nutrição, comprometimento imune e a idade em que a infecção ocorre, podendo ocasionar complicações como otite média, pneumonia, diarreia, encefalite e morte.

A distribuição do sarampo é universal e endêmica em grandes conglomerados urbanos com epidemia, a cada 2 ou 4 anos. Essa ocorrência está na dependência do grau de imunidade e susceptibilidade da população. O sarampo é uma doença essencialmente humana não possuindo reservatório animal capaz de sustentar a transmissão, possui somente um sorotipo e uma vacina segura e eficaz, em decorrência disso foi incluída entre as doenças passíveis de erradicação.

[Título da imagem] Incidência do Sarampo por Milhão

[Fonte da imagem] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: *WORLD Health Statistics 2022. World Health Organization*. Genebra, 2022. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/item/20-05-2022-world-health-statistics-2022>. Acesso em: 13 fev. 2023.

Country	Cases	Rate/M
Somalia	8,129	486.90
Liberia	1,760	339.76
Nigeria	23,269	110.07
Côte d'Ivoire	2,137	78.99
Yemen	2,209	72.45
Guinea-Bissau	144	71.45
Mali	1,460	70.00
Afghanistan	2,677	67.20
Gabon	153	67.14
Cameroon	1,703	62.55
Guinea	793	58.75
Congo	332	58.69
DR Congo	4,073	44.09
Niger	1,040	41.38
Country	Cases	Rate/M
Central African Republic	201	40.85
Gambia	97	39.00
Ethiopia	4,319	36.64
Togo	292	34.44
Chad	570	33.70
Pakistan	6,456	28.87
Burkina Faso	616	28.86
Comoros	21	23.84
Sudan	1,059	23.58
Senegal	360	20.93
Mozambique	671	20.86
Benin	254	20.40

Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: *WORLD Health Statistics 2022*. World Health Organization. Genebra, 2022. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/item/20-05-2022-world-health-statistics-2022>. Acesso em: 13 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo

Página 2/9

Conteúdo do Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo – Página 2/9:

Vigilância Virológica do Sarampo

A Vigilância Epidemiológica (VE) é uma importante ferramenta para entendermos os surtos e epidemias. Os dados gerados por uma VE robusta são essenciais para definirmos as estratégias de enfrentamento de um novo surto ou epidemia e avaliarmos criticamente os rumos e as novas ações necessárias.

Nesse momento te convido a estudar a respeito de um exemplo importante de Vigilância Epidemiológica nos séculos passados. Para isso, será necessário pesquisar na internet sobre o:

- 1) Surto de sarampo nas Ilhas Faroé em 1846, descrito por Panum.

Vigilância Viroológica do Sarampo

A Vigilância Epidemiológica (VE) é uma importante ferramenta para entendermos os surtos e epidemias. Os dados gerados por uma VE robusta são essenciais para definirmos as estratégias de enfrentamento de um novo surto ou epidemia e avaliarmos criticamente os rumos e as novas ações necessárias.

Nesse momento te convido a estudar a respeito de um exemplo importante de Vigilância Epidemiológica nos séculos passados. Para isso, será necessário pesquisar na internet sobre o:

1) Surto de sarampo nas Ilhas Faroé em 1846, descrito por Panum.

As informações a respeito da história natural do Sarampo se devem a John Anderson e Joseph Goldberger, dois médicos e epidemiologistas norte-americanos, os quais, em 1911, conseguiram transmitir o vírus para macacos Rhesus a partir de amostras de sangue de pacientes com sarampo.

Porém, quando se trata de epidemias de sarampo, destaca-se uma epidemia ocorrida em 1847 nas Ilhas Faroé, pertencentes ao território dinamarquês e localizadas no Norte Atlântico, entre a Dinamarca, Inglaterra e Islândia. As mesmas ilhas de Faroé foram novamente alvo de outra epidemia de sarampo em 1882. Devido a sua localização geográfica que as tornavam, à época, pouco acessíveis, a epidemia ocorrida em 1846 foi fundamental para melhor compreensão a respeito dos mecanismos de transmissão do sarampo. Neste sentido, muito se deve ao médico Peter Ludwig Panum, responsável por estudar esta grave epidemia de sarampo que começou nas Ilhas Faroé a pedido do governo dinamarquês. Sua principal missão foi propor medidas preventivas e, ao longo de cinco meses nas ilhas Faroé, Panum realizou um magnífico estudo epidemiológico do sarampo. Nessa época, em meados do século XIX, a população nas ilhas Faroé era muito baixa, dispersa entre as 17 ilhas e entre as muitas aldeias com cerca de 20-200 habitantes. Pelo fato da população estar literalmente "ilhada", as condições eram precárias, a pobreza era grande e havia muita falta de higiene. As casas eram estreitas e mal aquecidas, além de haver falta de médicos e parteiras, em comparação com Dinamarca. Panum descreve os fatos com detalhes, observações essas que caracterizaram muito bem a epidemiologia do sarampo. O sarampo chegou às Ilhas Faroé, em Thorshavn a partir de um carpinteiro de Copenhagen que tinha o vírus incubando no organismo. Dentre os achados epidemiológicos do sarampo, Panum conseguiu identificar o número de casos de 52 aldeias acometidas pela epidemia. Além disso, Panum foi capaz de determinar o período de incubação da doença, que corresponde a cerca de 14 dias. A epidemia de sarampo nas Ilhas Faroé durou seis meses, de abril até outubro de 1846, e afetou 6.100 habitantes, cerca de 80% da população e atingiu todas as faixas etárias. Esse dado é muito interessante, pois a epidemia das Ilhas Faroé se mostrou diferente do sarampo endêmico na Dinamarca, o qual apenas crianças pequenas foram afetadas. A taxa de mortalidade nas Ilhas Faroé foi de 2,8% ($n=170$), valor muito superior ao da Dinamarca. Outro dado muito relevante da epidemia de sarampo nas Ilhas Faroé é o fato que nenhum dos 98 idosos sobreviventes que contraíram sarampo em uma epidemia anterior, em 1781, adoeceram, o que demonstra a longa duração da imunidade adquirida.

 Leitura Complementar
[BERCHE \(2022\)](#)

As informações a respeito da história natural do Sarampo se devem a John Anderson e Joseph Goldberger, dois médicos e epidemiologistas norte-americanos, os quais, em 1911, conseguiram transmitir o vírus para macacos Rhesus a partir de amostras de sangue de pacientes com sarampo.

Porém, quando se trata de epidemias de sarampo, destaca-se uma epidemia ocorrida em 1847 nas Ilhas Faroé, pertencentes ao território dinamarquês e localizadas no Norte Atlântico, entre a Dinamarca, Inglaterra e Islândia. As mesmas ilhas de Faroé foram novamente alvo de outra epidemia de sarampo em 1882. Devido a sua localização geográfica que as tornavam, à época, pouco acessíveis, a epidemia ocorrida em 1846 foi fundamental para melhor compreensão a respeito dos mecanismos de transmissão do sarampo. Neste sentido, muito se deve ao médico Peter Ludwig Panum, responsável por estudar esta grave epidemia de sarampo que começou nas Ilhas Faroé a pedido do governo dinamarquês. Sua principal missão foi propor medidas preventivas e, ao longo de cinco meses nas ilhas Faroé, Panum realizou um magnífico estudo epidemiológico do sarampo. Nessa época, em meados do século XIX, a população nas ilhas Faroé era muito baixa, dispersa entre as 17 ilhas e entre as muitas aldeias com cerca de 20-200 habitantes. Pelo fato da população estar literalmente "ilhada", as condições eram precárias, a pobreza era grande e havia muita falta de higiene. As casas eram estreitas e mal aquecidas, além de haver falta de médicos e parteiras, em comparação com Dinamarca. Panum descreve os fatos com detalhes, observações essas que caracterizaram muito bem a epidemiologia do sarampo. O sarampo chegou às Ilhas Faroé, em Thorshavn a partir de um carpinteiro de Copenhagen que tinha o vírus incubando no organismo. Dentre os achados epidemiológicos do sarampo, Panum conseguiu identificar o número de casos de 52 aldeias acometidas pela epidemia. Além disso, Panum foi capaz de determinar o período de incubação da doença, que corresponde a cerca de 14 dias. A epidemia de sarampo nas Ilhas Faroé durou seis meses, de abril até outubro de 1846, e afetou 6.100 habitantes, cerca de 80% da população e atingiu todas as faixas etárias. Esse dado é muito interessante, pois a epidemia das Ilhas Faroé se mostrou diferente do sarampo endêmico na Dinamarca, o qual apenas crianças pequenas foram afetadas. A taxa de mortalidade nas Ilhas Faroé foi de 2,8% ($n=170$), valor muito superior ao da Dinamarca. Outro dado muito relevante da epidemia de sarampo nas Ilhas Faroé é o fato que nenhum dos 98 idosos sobreviventes que contraíram sarampo em uma epidemia anterior, em 1781, adoeceram, o que demonstra a longa duração da imunidade adquirida.

afetadas. A taxa de mortalidade nas Ilhas Faroé foi de 2,8% (n=170), valor muito superior ao da Dinamarca. Outro dado muito relevante da epidemia de sarampo nas Ilhas Faroé é o fato que nenhum dos 98 idosos sobreviventes que contraíram sarampo em uma epidemia anterior, em 1781, adoeceram, o que demonstra a longa duração da imunidade adquirida.

Leitura Complementar
[BERCHE \(2022\)](#)

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo

Página 3/9

Vigilância Virológica do Sarampo

Com o sucesso do Programa de Eliminação do Poliovírus, vírus causador da poliomielite, os países das Américas decidiram, no início da década de 1990, trabalhar em conjunto pela eliminação do sarampo.

Posteriormente, com o sucesso das estratégias implementadas nas Américas, a OMS decidiu pela eliminação do sarampo e várias regiões mundiais estabeleceram a vacinação e as estratégias de eliminação como programas prioritários. Esforços para atingir estes objetivos incluem altas coberturas vacinais e melhorias do sistema de vigilância, baseados em dados epidemiológicos e laboratoriais.

No Brasil durante muitos anos, o sarampo destacava-se como uma das principais causas de óbitos e a curva epidêmica apresentada a cada dois ou três anos resultava em complicações e mortes. Em 1992, o Brasil realizou uma campanha de vacinação em massa contra o sarampo, atingindo 95% de cobertura vacinal, na população de menores de 14 anos de idade. Após esta campanha, o número de casos diminuiu drasticamente (BRASIL, 2010). Nos anos seguintes, várias estratégias de vacinação e de vigilância epidemiológica e laboratorial foram discutidas e utilizadas.

Compreenda esses dados observando e analisando o gráfico a seguir.

Conteúdo do Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo – Página 3/9:

Vigilância Virológica do Sarampo

Com o sucesso do Programa de Eliminação do Poliovírus, vírus causador da poliomielite, os países das Américas decidiram, no início da década de 1990, trabalhar em conjunto pela eliminação do sarampo.

Posteriormente, com o sucesso das estratégias implementadas nas Américas, a OMS decidiu pela eliminação do sarampo e várias regiões mundiais estabeleceram a vacinação e as estratégias de eliminação como programas prioritários. Esforços para atingir estes objetivos incluem altas coberturas vacinais e melhorias do sistema de vigilância, baseados em dados epidemiológicos e laboratoriais.

[Destaque] No Brasil durante muitos anos, o sarampo destacava-se como uma das principais causas de óbitos e a curva epidêmica apresentada a cada dois ou três anos resultava em complicações e mortes. Em 1992, o Brasil realizou uma campanha de vacinação em massa contra o sarampo, atingindo 95% de cobertura vacinal, na população de menores de 14 anos de idade. Após esta campanha, o número de casos diminuiu drasticamente (BRASIL, 2010). Nos anos seguintes, várias estratégias de vacinação e de vigilância epidemiológica e laboratorial foram discutidas e utilizadas.

Coeficientes de incidência sarampo e coberturas vacinais (%) das vacinas contra sarampo em menores de um ano* e tríplice viral em 1 ano de idade, Brasil, 1968 a 2022*



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: BRASIL. Ministério da Saúde. *Plano de ação para interrupção da circulação do vírus do sarampo: monitoramento e reverificação da sua eliminação no Brasil*. Ministério da Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2022, p. 69. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/interrupcao_circulacao_virus_sarampo.pdf. Acesso em: 13 fev. 2023.

Compreenda esses dados observando e analisando o gráfico a seguir.

[Título da imagem] Coeficientes de incidência sarampo e coberturas vacinais contra Sarampo e Tríplice Viral

Coeficientes de incidência sarampo e coberturas vacinais (%) das vacinas contra sarampo em menores de um ano* e tríplice viral em 1 ano de idade, Brasil, 1968 a 2022*

Ministério da Saúde

Introdução da vacina 1977

Plano de Eliminação do Sarampo

1ª Campanha Nacional de Vacinação 1998

Notificação compulsória 1998

Campanha Nacional de Vacinação contra Rubéola de 12 a 49 anos 2008

Certificação da eliminação do vírus sarampo nas Américas 2016

Reintrodução do vírus do sarampo no Brasil 2018

2ª Campanha de seguimento 1995

3ª Campanha de seguimento 1997

4ª Campanha de seguimento 2000

5ª Campanha de seguimento 2004

6ª Campanha de seguimento 2011

7ª Campanha de seguimento 2014

8ª Campanha de seguimento 2018

Reintrodução do vírus do sarampo no Brasil 2018

Incidência

Cobertura vacinal

[Fonte da imagem] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: *Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica*. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: BRASIL. Ministério da Saúde. *Plano de ação para interrupção da circulação do vírus do sarampo: monitoramento e reverificação da sua eliminação no Brasil*. Ministério da Saúde. Brasília/DF: Ministério da Saúde, 2022, p. 69. Disponível em: <https://acesso.one/48Hm2>. Acesso em: 13 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo

Página 4/9

Conteúdo do Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo – Página 4/9:

Vigilância Virológica do Sarampo

Vigilância Viroológica do Sarampo

Novas ferramentas para a vigilância do sarampo vem sendo desenvolvidas, em particular, a análise molecular destes vírus através da identificação de genótipos de um fragmento do genoma viral (com base em 450 nucleotídeos do gene N). Esta análise fornece um método importante para verificar a efetividade dos programas de vacinação, com o objetivo de definir cepas autóctones e importadas.

No início dos anos 2000, foi verificada a não circulação dos vírus autóctones nas Américas, onde surtos limitados são resultados de importações de áreas endêmicas. Posteriormente, os países membros da Organização Pan-Americana da Saúde/OPAS decidiram pleitear a certificação da eliminação do sarampo das Américas.

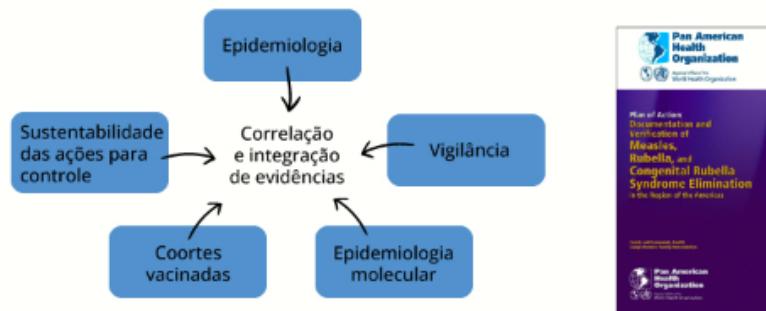
Os critérios para esta comprovação foram definidos por um Comitê de Especialistas Internacionais, sendo que um deles é através da epidemiologia molecular, mediante a documentação de ausência do mesmo genótipo endêmico no país por um período de 12 meses. Todos os países das Américas entregaram a documentação necessária para esta comprovação à OPAS e, em 2016, as Américas, inclusive o Brasil, receberam a certificação da Eliminação do Sarampo das Américas.

Documentação e verificação da eliminação do Sarampo

DOCUMENTAÇÃO E VERIFICAÇÃO DA ELIMINAÇÃO DO SARAMPO

Sucesso do programa depende do empenho para manter altas coberturas de vacinação e do sistema de vigilância epidemiológica e laboratorial ativos.

Critérios para documentação e verificação da eliminação do sarampo definidos por um comitê de especialistas da OPAS.



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS, Fiocruz, 2023, baseada em: PLAN of Action for the Documentation and Verification of Measles, Rubella, and Congenital Rubella Syndrome Elimination in the Region of the Americas. Pan American Health Organization. Washington, p. 34, 2011. Disponível em: <https://www.paho.org/hq/dmdocuments/2014/PoA-Documentation-Verification-MRCR-S-Elimination-e.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Leitura Complementar
PLAN (2011)

Novas ferramentas para a vigilância do sarampo vem sendo desenvolvidas, em particular, a análise molecular destes vírus através da identificação de genótipos de um fragmento do genoma viral (com base em 450 nucleotídeos do gene N). Esta análise fornece um método importante para verificar a efetividade dos programas de vacinação, com o objetivo de definir cepas autóctones e importadas.

No início dos anos 2000, foi verificada a não circulação dos vírus autóctones nas Américas, onde surtos limitados são resultados de importações de áreas endêmicas. Posteriormente, os países membros da Organização Pan-Americana da Saúde/OPAS decidiram pleitear a certificação da eliminação do sarampo das Américas.

Os critérios para esta comprovação foram definidos por um Comitê de Especialistas Internacionais, sendo que um deles é através da epidemiologia molecular, mediante a documentação de ausência do mesmo genótipo endêmico no país por um período de 12 meses. Todos os países das Américas entregaram a documentação necessária para esta comprovação à OPAS e, em 2016, as Américas, inclusive o Brasil, receberam a certificação da Eliminação do Sarampo das Américas.

[Título da imagem] Documentação e verificação da eliminação do Sarampo

DOCUMENTAÇÃO E VERIFICAÇÃO DA ELIMINAÇÃO DO SARAMPO
Sucesso do programa depende do empenho para manter altas coberturas de vacinação e do sistema de vigilância epidemiológica e laboratorial ativos.

Critérios para documentação e verificação da eliminação do sarampo definidos por um comitê de especialistas da OPAS.

Correlação e integração de evidências

Epidemiologia

Sustentabilidade das ações para controle

Coortes vacinadas

Epidemiologia molecular

Vigilância

[Fonte da imagem] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas vírais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: *PLAN of Action for the Documentation and Verification of Measles, Rubella, and Congenital Rubella Syndrome Elimination in the Region of the Americas. Pan American Health Organization*, Washington, p. 34, 2011. Disponível em: <https://www.paho.org/hq/dm/documents/2014/PoA-Documentation-Verification-MRCRS-Elimination-e.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo

Página 5/9

Vigilância Virológica do Sarampo

O sucesso dos programas de imunização depende, não só do empenho nas campanhas de vacinação, mas também, na condução simultânea do monitoramento rotineiro dos resultados epidemiológicos e laboratoriais (OPAS, 2011).

Para medir a efetividade de um programa de eliminação algumas análises e dados são imprescindíveis, entre eles a não circulação do vírus autóctone, a fonte e propagação dos vírus em surtos, o diagnóstico diferencial dos casos IgM negativos e a pronta detecção do agente etiológico responsável por um determinado surto de doença exantemática (OPAS, 2011).

Por outro lado, para garantir o diagnóstico molecular preciso e a genotipagem do vírus é preciso realizar as seguintes coletas:

- coleta de *swab* combinado da oro e nasofaringe, utilizando 3 (três) *swabs*, sendo 2 (dois) da nasofaringe (um de cada narina), e 1 (um) da orofaringe;
- coletar de 15 a 100 ml de urina em frasco estéril;
- **1º e 7º dia do início do exantema** e no máximo até 14 dias.

Observações: As amostras devem ser armazenadas de 2 °C a 8 °C e **transportadas ao Lacen em até 48 horas**, acondicionadas em caixa de transporte com gelo reciclável. Amostras coletadas após esse período são consideradas inoportunas, contudo, não devem deixar de ser coletadas.

Neste contexto, destaca-se que para termos dados robustos de epidemiologia molecular devem ser realizados os seguintes passos:

Conteúdo do Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo – Página 5/9:

Vigilância Virológica do Sarampo

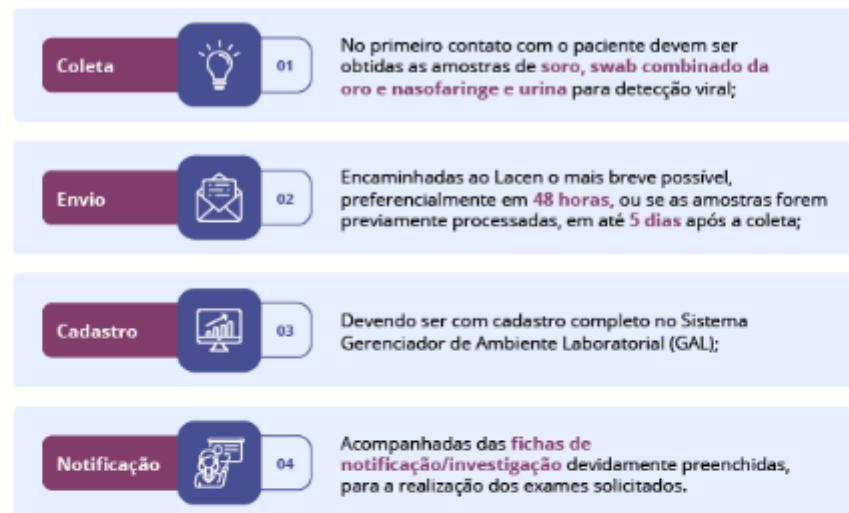
O sucesso dos programas de imunização depende, não só do empenho nas campanhas de vacinação, mas também, na condução simultânea do monitoramento rotineiro dos resultados epidemiológicos e laboratoriais (OPAS, 2011).

Para medir a efetividade de um programa de eliminação algumas análises e dados são imprescindíveis, entre eles a não circulação do vírus autóctone, a fonte e propagação dos vírus em surtos, o diagnóstico diferencial dos casos IgM negativos e a pronta detecção do agente etiológico responsável por um determinado surto de doença exantemática (OPAS, 2011).

Por outro lado, para garantir o diagnóstico molecular preciso e a genotipagem do vírus é preciso realizar as seguintes coletas:

- coleta de *swab* combinado da oro e nasofaringe, utilizando 3 (três) *swabs*, sendo 2 (dois) da nasofaringe (um de cada narina), e 1 (um) da orofaringe;
- coletar de 15 a 100 ml de urina em frasco estéril;
- **1º e 7º dia do início do exantema** e no máximo até 14 dias.

Vigilância Virológica do Sarampo



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: BRASIL. Ministério da Saúde Secretaria de Vigilância em Saúde Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. **Nota Técnica nº 20/2022-CGLAB/DAEVS/SVS/MS nº 20**. Orientações e atualizações referentes ao Fluxo de Diagnóstico Laboratorial do Sarampo e Rubéola atribuídos aos Laboratórios Centrais de Saúde Pública (Lacen), Laboratório de Referência Nacional (LRN) e demais áreas da saúde pública e privada envolvidos nos processos de coleta e diagnóstico destas doenças. Ministério da Saúde Secretaria de Vigilância em Saúde Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. Brasília, DF, 4 fev. 2002. Disponível em: https://dive.sc.gov.br/phocadownload/doencas-agravos/Sarampo/Publica%C3%A7%C3%A3o%20025151210%20-%20Nota%20Tcnica_Fluxo_Sarampo_Rubola%201.pdf. Acesso em: 1 fev. 2023.

Observações: as amostras devem ser armazenadas de 2 °C a 8 °C e transportadas ao Lacen em **até 48 horas**, acondicionadas em caixa de transporte com gelo reciclável. Amostras coletadas após esse período são consideradas inoportunas, contudo, não devem deixar de ser coletadas.

Neste contexto, destaca-se que para termos dados robustos de epidemiologia molecular devem ser realizados os seguintes passos:

[Título da imagem] Vigilância Virológica do Sarampo

Coleta

No primeiro contato com o paciente devem ser obtidas as amostras de **soro, swab combinado da orofaringe e urina** para detecção viral;

Envio

Encaminhadas ao Lacen o mais breve possível, preferencialmente em **48 horas**, ou se as amostras forem previamente processadas, em **até 5 dias** após a coleta;

Cadastro

Devendo ser com cadastro completo no Sistema Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL);

Notificação

Acompanhadas das **fichas de notificação/investigação** devidamente preenchidas, para a realização dos exames solicitados.

[Fonte da imagem] Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: BRASIL. Ministério da Saúde Secretaria de Vigilância em Saúde Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. **Nota Técnica nº 20/2022-CGLAB/DAEVS/SVS/MS nº 20**. Orientações e atualizações referentes ao Fluxo de Diagnóstico Laboratorial do Sarampo e Rubéola atribuídos aos Laboratórios Centrais de Saúde Pública (Lacen), Laboratório de Referência Nacional (LRN) e demais áreas da saúde pública e privada envolvidos nos processos de coleta e diagnóstico destas doenças. Ministério da Saúde Secretaria de Vigilância em Saúde Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública. Brasília, DF, 4 fev. 2002. Disponível em: https://dive.sc.gov.br/phocadownload/doencas-agravos/Sarampo/Publica%C3%A7%C3%A3o%20025151210%20-%20Nota%20Tcnica_Fluxo_Sarampo_Rubola%201.pdf. Acesso em: 1 fev. 2023.

Estratégica de Vigilância em Saúde Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública.
Brasília, DF, 4 fev. 2002.
Disponível em:
https://dive.sc.gov.br/phocadownload/doencas-agravos/Sarampo/Publica%C3%A7%C3%B5es/SEI_MS%20-%200025151210%20-%20Nota%20Tcnica_Fluxo_Sarampo_Rubola%201.pdf.
Acesso em: 1 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo

Página 6/9 – Avaliação formativa 11

Vigilância Virológica do Sarampo

Avaliação Formativa 11

Você não concluiu esta tarefa

A Vigilância Epidemiológica (VE) é uma importante ferramenta para entendermos os surtos e epidemias. Neste contexto, a principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da Vigilância Virológica do Sarampo é:

- A identificação de rotas de transmissão e surtos de sarampo.
- A identificação de grupos de risco para a infecção pelo sarampo.
- O desenvolvimento de novas vacinas para o sarampo.
- O monitoramento da eficácia da vacinação contra o sarampo.
- A implementação de medidas de controle de surtos de sarampo em áreas esperadas.

Responder

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo

Página 6/9 – Avaliação formativa 11 – Feedback correto

Conteúdo do Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo – Página 6/9 – Avaliação formativa 11:

Vigilância Virológica do Sarampo

Avaliação Formativa 11

[Mensagem] Você não concluiu esta tarefa

A Vigilância Epidemiológica (VE) é uma importante ferramenta para entendermos os surtos e epidemias. Neste contexto, a principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da Vigilância Virológica do Sarampo é:

- () A identificação de rotas de transmissão e surtos de sarampo.
- () A identificação de grupos de risco para a infecção pelo sarampo.
- () O desenvolvimento de novas vacinas para o sarampo.
- () O monitoramento da eficácia da vacinação contra o sarampo.
- () A implementação de medidas de controle de surtos de sarampo em áreas esperadas.

[Botão] Responder

Conteúdo do Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo – Página 6/9 – Avaliação formativa 11 – Feedback correto:

[Mensagem] Você concluiu esta tarefa

Alternativa correta

Você concluiu esta tarefa

A Vigilância Epidemiológica (VE) é uma importante ferramenta para entendermos os surtos e epidemias. Neste contexto, a principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da Vigilância Virológica do Sarampo é:

- A identificação de rotas de transmissão e surtos de sarampo.

Alternativa correta

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. A principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da vigilância virológica do sarampo é a identificação de rotas de transmissão e surtos, ajudando a orientar as medidas de controle e prevenção da doença.

Fonte: ROSA, Fabiano Marques. *Análise crítica do sistema de vigilância do sarampo no Brasil*. 2020. 122 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical) - Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, 2020. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/47583>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Parabéns você acertou essa questão!

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo

Página 6/9 – Avaliação formativa 11 – Feedbacks incorretos

- A implementação de medidas de controle de surtos de sarampo em áreas esperadas.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A epidemiologia molecular é uma ferramenta poderosa para o rastreamento de surtos de sarampo e a identificação de rotas de transmissão. Isso é possível graças ao sequenciamento do genoma viral, o que permite identificar as origens dos surtos e as cadeias de transmissão da doença. A vigilância virológica, também, pode fornecer informações importantes a respeito da eficácia da vacinação contra o sarampo e a identificação de variantes virais que podem afetar a proteção conferida pela vacina. No entanto, a principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da vigilância virológica do sarampo é a identificação de rotas de transmissão e surtos, ajudando a orientar as medidas de controle e prevenção da doença.

Fonte: ROSA, Fabiano Marques. *Análise crítica do sistema de vigilância do sarampo no Brasil*. 2020. 122 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical) - Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, 2020. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/47583>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Parabéns! Esta é a melhor alternativa de resposta. A principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da vigilância virológica do sarampo é a identificação de rotas de transmissão e surtos, ajudando a orientar as medidas de controle e prevenção da doença.

Fonte: ROSA, Fabiano Marques. *Análise crítica do sistema de vigilância do sarampo no Brasil*. 2020. 122 p. Dissertação

(Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical) - Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, 2020.

Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/47583>.

Acesso em: 1 fev. 2023.

[Mensagem] Parabéns, você acertou essa questão!

Conteúdo do Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo – Página 6/9 – Avaliação formativa 11 – Feedbacks incorretos:

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A epidemiologia molecular é uma ferramenta poderosa para o rastreamento de surtos de sarampo e a identificação de rotas de transmissão. Isso é possível graças ao sequenciamento do genoma viral, o que permite identificar as origens dos surtos e as cadeias de transmissão da doença. A vigilância virológica, também, pode fornecer informações importantes a respeito da eficácia da vacinação contra o sarampo e a identificação de variantes virais que podem afetar a proteção conferida pela vacina. No entanto, a principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da vigilância virológica do sarampo é a identificação de rotas de transmissão e surtos, ajudando a orientar as medidas de controle e prevenção da doença.

Fonte: ROSA, Fabiano Marques. *Análise crítica do sistema de vigilância do sarampo no Brasil*. 2020. 122 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em

O desenvolvimento de novas vacinas para o sarampo.

 **Alternativa incorreta**

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A epidemiologia molecular é uma ferramenta poderosa para o rastreamento de surtos de sarampo e a identificação de rotas de transmissão. Isso é possível graças ao sequenciamento do genoma viral, o que permite identificar as origens dos surtos e as cadeias de transmissão da doença. A vigilância virológica, também, pode fornecer informações importantes a respeito da eficácia da vacinação contra o sarampo e a identificação de variantes virais que podem afetar a proteção conferida pela vacina. No entanto, a principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da vigilância virológica do sarampo é a identificação de rotas de transmissão e surtos, ajudando a orientar as medidas de controle e prevenção da doença.

Fonte: ROSA, Fabiano Marques. *Análise crítica do sistema de vigilância do sarampo no Brasil*. 2020. 122 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical) - Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, 2020. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/47583>. Acesso em: 1 fev. 2023.

O monitoramento da eficácia da vacinação contra o sarampo.

 **Alternativa incorreta**

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A epidemiologia molecular é uma ferramenta poderosa para o rastreamento de surtos de sarampo e a identificação de rotas de transmissão. Isso é possível graças ao sequenciamento do genoma viral, o que permite identificar as origens dos surtos e as cadeias de transmissão da doença. A vigilância virológica, também, pode fornecer informações importantes a respeito da eficácia da vacinação contra o sarampo e a identificação de variantes virais que podem afetar a proteção conferida pela vacina. No entanto, a principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da vigilância virológica do sarampo é a identificação de rotas de transmissão e surtos, ajudando a orientar as medidas de controle e prevenção da doença.

Fonte: ROSA, Fabiano Marques. *Análise crítica do sistema de vigilância do sarampo no Brasil*. 2020. 122 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical) - Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, 2020. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/47583>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Medicina Tropical) - Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, 2020. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/47583>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A epidemiologia molecular é uma ferramenta poderosa para o rastreamento de surtos de sarampo e a identificação de rotas de transmissão. Isso é possível graças ao sequenciamento do genoma viral, o que permite identificar as origens dos surtos e as cadeias de transmissão da doença. A vigilância virológica, também, pode fornecer informações importantes a respeito da eficácia da vacinação contra o sarampo e a identificação de variantes virais que podem afetar a proteção conferida pela vacina. No entanto, a principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da vigilância virológica do sarampo é a identificação de rotas de transmissão e surtos, ajudando a orientar as medidas de controle e prevenção da doença.

Fonte: ROSA, Fabiano Marques. *Análise crítica do sistema de vigilância do sarampo no Brasil*. 2020. 122 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical) - Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, 2020. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/47583>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A epidemiologia molecular é uma ferramenta poderosa para o rastreamento de surtos de sarampo e a identificação de rotas de transmissão. Isso é possível graças ao sequenciamento do genoma viral, o que permite identificar as origens dos surtos e as cadeias de transmissão da doença. A vigilância virológica, também, pode fornecer informações importantes a respeito da eficácia da vacinação contra o sarampo e a identificação de variantes virais que podem afetar a proteção conferida pela vacina. No entanto, a principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da vigilância virológica do sarampo é a identificação de rotas de transmissão e surtos, ajudando a orientar as medidas de controle e prevenção da doença.

A identificação de grupos de risco para a infecção pelo sarampo.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A epidemiologia molecular é uma ferramenta poderosa para o rastreamento de surtos de sarampo e a identificação de rotas de transmissão. Isso é possível graças ao sequenciamento do genoma viral, o que permite identificar as origens dos surtos e as cadeias de transmissão da doença. A vigilância virológica, também, pode fornecer informações importantes a respeito da eficácia da vacinação contra o sarampo e a identificação de variantes virais que podem afetar a proteção conferida pela vacina. No entanto, a principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da vigilância virológica do sarampo é a identificação de rotas de transmissão e surtos, ajudando a orientar as medidas de controle e prevenção da doença.

Fonte: ROSA, Fabiano Marques. Análise crítica do sistema de vigilância do sarampo no Brasil. 2020. 122 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical) - Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, 2020. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/47583>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Fonte: ROSA, Fabiano Marques. **Análise crítica do sistema de vigilância do sarampo no Brasil**. 2020. 122 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical) - Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, 2020. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/47583>. Acesso em: 1 fev. 2023.

Alternativa incorreta

Esta não é a melhor alternativa de resposta. A epidemiologia molecular é uma ferramenta poderosa para o rastreamento de surtos de sarampo e a identificação de rotas de transmissão. Isso é possível graças ao sequenciamento do genoma viral, o que permite identificar as origens dos surtos e as cadeias de transmissão da doença. A vigilância virológica, também, pode fornecer informações importantes a respeito da eficácia da vacinação contra o sarampo e a identificação de variantes virais que podem afetar a proteção conferida pela vacina. No entanto, a principal contribuição da epidemiologia molecular a partir da vigilância virológica do sarampo é a identificação de rotas de transmissão e surtos, ajudando a orientar as medidas de controle e prevenção da doença.

Fonte: ROSA, Fabiano Marques. **Análise crítica do sistema de vigilância do sarampo no Brasil**. 2020. 122 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical) - Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, 2020. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/47583>. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Botão] Tentar novamente. Você não acertou o que é necessário para essa questão. Tente novamente.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo

Página 7/9

Vigilância Virológica do Sarampo

Será apresentado a seguir uma síntese ilustrativa do Sistema de Vigilância Laboratorial do Sarampo no Brasil, observe-o com atenção!

Conteúdo do Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo – Página 7/9:

Vigilância Virológica do Sarampo

Será apresentada a seguir uma síntese ilustrativa do Sistema de Vigilância Laboratorial do Sarampo no Brasil, observe-a com atenção!

Descrição do Sistema de Vigilância Laboratorial

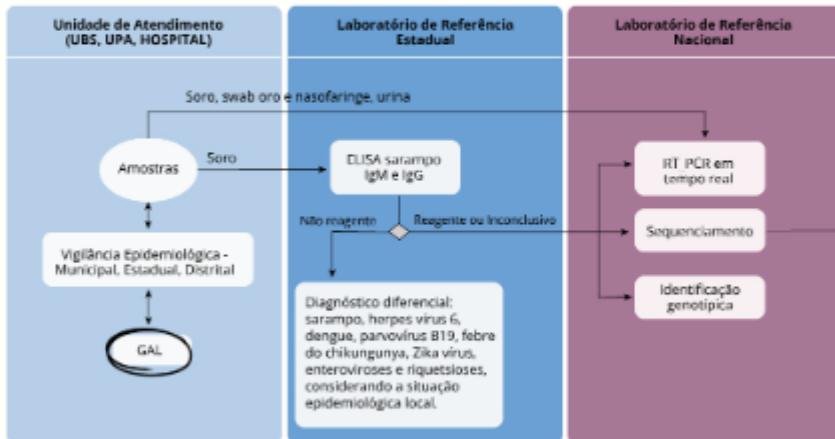
Descrição do Sistema de Vigilância Laboratorial



Vigilância laboratorial do sarampo no Brasil: monitorada pela Rede Nacional de Laboratórios de Saúde Pública (RNLSP)

Laboratórios centrais de saúde pública (Lacen): sorologia para confirmação diagnóstica e diagnóstico diferencial - ELISA

Laboratório de Referência Nacional (LRN): Fiocruz/RJ – sorologia, RT-PCR em tempo real e identificação viral



Fonte: RESENDE, Paola et al. *Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.* Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. *Guia de Vigilância em Saúde.* Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. 5. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. p. 1.126. Disponível em: https://www.gov.br/saud_e-pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-svs/vigilancia/guia-de-vigilancia-em-saude_5ed_21nov21_isbn5.pdf/view. Acesso em: 1 fev. 2023.

[Título da imagem] Descrição do Sistema de Vigilância Laboratorial

[Texto da imagem] Descrição do Sistema de Vigilância Laboratorial

Vigilância laboratorial do sarampo no Brasil: monitorada pela Rede Nacional de Laboratórios de Saúde Pública (RNLSP)

Laboratórios centrais de saúde pública (Lacen): sorologia para confirmação diagnóstica e diagnóstico diferencial – ELISA

Laboratório de Referência Nacional (LRN): Fiocruz/RJ – sorologia, RT-PCR em tempo real e identificação viral

LABORATÓRIO LOCAL

Unidade de Atendimento (UBS, UPA, HOSPITAL)

Laboratório de Referência Estadual

Laboratório de Referência Nacional

Soro, swab oro e nasofaringite, urina

Amostras

Vigilância Epidemiológica Municipal, Estadual, Distrital

GAL

Soro

ELISA sarampo

IgM e IgG

Não reagente

Reagente ou inconclusivo

Diagnóstico diferencial: sarampo, herper vírus 6, dengue, parvovírus B19, febre do chikungunya, Zika vírus, enteroviroses e riquetsioses, considerando a situação epidemiológica focal.

RT_PCR em tempo real

Sequenciamento

Identificação genotípica

[Fonte da imagem] Fonte: RESENDE, Paola et al. *Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.* Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada

em: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde.
Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Guia de
Vigilância em Saúde. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde.
Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. 5. ed. Brasília:
Ministério da Saúde, 2021. p. 1.126. Disponível
em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-svs/vigilancia/guia-de-vigilancia-em-saude_5ed_21nov21_isbn5.pdf/view. Acesso em: 1 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Viroológica do Sarampo

Página 8/9

Vigilância Viroológica do Sarampo

E, na prática, como devemos proceder frente a um caso esporádico de Sarampo? E, em situações de surto dessa doença?

Serão destacados a seguir quais ações devem ser tomadas.

+ Caso esporádico de Sarampo

+ Situação de Surto de Sarampo

Conteúdo do Tópico: Vigilância Viroológica do Sarampo – Página 8/9:

Vigilância Viroológica do Sarampo

E, na prática, como devemos proceder frente a um caso esporádico de Sarampo? E, em situações de surto dessa doença?

Serão destacados a seguir quais ações devem ser tomadas.

[Sanfona 1] Caso esporádico de Sarampo

[Sanfona 2] Situação de Surto de Sarampo

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Viroológica do Sarampo

Página 8/9 - Sanfona 1

Conteúdo do Tópico: Vigilância Viroológica do Sarampo – Página 8/9 – Sanfona 1:

Caso esporádico de Sarampo

Diagnóstico laboratorial e Epidemiologia Molecular de sarampo em diferentes cenários epidemiológicos

Diagnóstico Laboratorial e Epidemiologia Molecular em diferentes cenários

[Tabela]

Casos Esporádicos IgM Positivos

Surtos/Epidemias

Investigação Minuciosa.

O que fazer?

- Caso esporádico de Sarampo

Diagnóstico laboratorial e Epidemiologia Molecular de sarampo em diferentes cenários epidemiológicos

Diagnóstico Laboratorial e Epidemiologia Molecular em diferentes cenários

Casos Esporádicos IgM Positivos	Surtos/Epidemias
Investigação Minuciosa.	O que fazer?
Reteste Sorológico.	
Diagnóstico Diferencial.	Como otimizar recursos financeiros, de pessoal, de tempo e dar uma resposta adequada?
Segunda Amostra de Soro.	
Detecção Viral: 1) Confirma casos esporádicos; 2) Exantema por vacina recente.	Nos primeiros casos do surto: Realiza o mesmo procedimento que se faz em casos esporádicos.

Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Reteste Sorológico.

Diagnóstico Diferencial.

Como otimizar recursos financeiros, de pessoal, de tempo e dar uma resposta adequada?

Segunda Amostra de Soro.

Detecção Viral:

- 1) Confirma casos esporádicos;
- 2) Exantema por vacina recente.

Nos primeiros casos do surto:

Realiza o mesmo procedimento que se faz em casos esporádicos.

[Fonte da tabela] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: **Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica**. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Viroológica do Sarampo

Página 8/9 - Sanfona 2

Conteúdo do Tópico: Vigilância Viroológica do Sarampo – Página 8/9 – Sanfona 2:

Situação de Surto de Sarampo

Diagnóstico laboratorial e Epidemiologia Molecular de sarampo em diferentes cenários epidemiológicos – continuação

[Título da imagem] Detecção Viral e Vigilância Viroológica do Surto do Sarampo

[Texto da imagem] Detecção Viral

Inicialmente será necessário **obter amostras respiratórias** (swab ou aspirado de nariz/orofaringe e urina), de acordo com a situação epidemiológica do surto.

Situação de Surto de Sarampo

Diagnóstico laboratorial e Epidemiologia Molecular de sarampo em diferentes cenários epidemiológicos - continuação

Detecção Viral e Vigilância Viroológica do Surto do Sarampo

Detecção Viral

Inicialmente será necessário **obter amostras respiratórias** (swab ou aspirado de nariz/orofaringe e urina), de acordo com a situação epidemiológica do surto.



Isto otimiza o trabalho das unidades de saúde ou equipes de campo e o uso de insumos para garantir suporte laboratorial antes, durante e após o surto.

1

Primeiros 3 a 10 casos suspeitos que estão diretamente relacionados ao caso índice

2

Primeiros 3 a 10 casos suspeitos que ocorrem em uma nova localidade ou município.

3

Primeiros 3 a 10 casos suspeitos que ocorrem a cada dois meses na mesma localidade ou município onde os casos que iniciaram o surto foram confirmados.

Isso otimiza o trabalho das unidades de saúde ou equipes de campo e o uso de insumos para garantir suporte laboratorial antes, durante e após o surto.

Primeiros 3 a 10 casos suspeitos que estão **diretamente relacionados ao caso índice**.

Primeiros 3 a 10 casos suspeitos que ocorrem em **uma nova localidade ou município**.

Primeiros 3 a 10 casos suspeitos que ocorreram a **cada dois meses na mesma localidade ou município onde os casos que iniciaram o surto foram confirmados**.

Vigilância Viroológica do Surto do Sarampo

A documentação do genótipo viral permitirá:

Documentar o genótipo e a procedência geográfica.

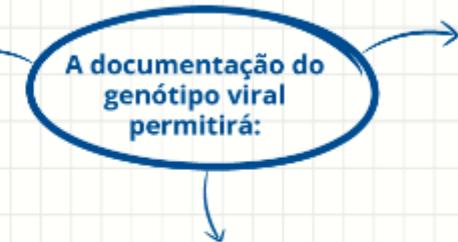
Documentar a transmissão autóctone: se o mesmo genótipo e linhagem tiver circulado por 12 meses ou mais na mesma região, o país perde o status de certificação de eliminação.

Evidenciar a presença de múltiplas importações.

Vigilância Viroológica do Surto do Sarampo :



Documentar o genótipo e a procedência geográfica



Documentar a transmissão autóctone: se o mesmo genótipo e linhagem tiver circulado por 12 meses ou mais na mesma região, o país perde o status de certificação de eliminação.



- Evidenciar a presença de múltiplas importações.

Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. Guia de Vigilância em Saúde. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Articulação Estratégica de Vigilância em Saúde. 5. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. P. 1.126. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-svs/vigilancia/guia-de-vigilancia-em-saude_5ed_21nov21_isbn5.pdf/view. Acesso em: 1 fev. 2023.

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Viroológica do Sarampo

Página 9/9

Conteúdo do Tópico: Vigilância Viroológica do Sarampo – Página 9/9:

Vigilância Viroológica do Sarampo

A variação genética encontrada nos vírus do sarampo de cepas selvagens que circulam atualmente no mundo, constitui a base para a aplicação de técnicas moleculares como forma de vigilância dessas mudanças e suas implicações no programa de vacinação.

Embora o vírus seja considerado antigenicamente estável apresentando somente um sorotípico (portanto a vacina fornece ótima proteção), os vírus apresentam variabilidade genética, principalmente, nos genes N e H — o que permitiu que fossem classificados em diferentes genótipos.

Vigilância Virológica do Sarampo

A variação genética encontrada nos vírus do sarampo de cepas selvagens que circulam atualmente no mundo, constitui a base para a aplicação de técnicas moleculares como forma de vigilância dessas mudanças e suas implicações no programa de vacinação.

Embora o vírus seja considerado antigenicamente estável apresentando somente um sorotipo (portanto a vacina fornece ótima proteção), os vírus apresentam variabilidade genética, principalmente, nos genes N e H — o que permitiu que fossem classificados em diferentes genótipos.

Os dados moleculares permitem analisar a efetividade desses programas, ao detectar mudanças na distribuição temporal de genótipos virais em determinada área, registrando a interrupção da transmissão do vírus autóctone. A combinação da epidemiologia molecular e da classificação e notificação de casos fornece uma maneira sensível de descrever os caminhos de transmissão do sarampo. A epidemiologia molecular é especialmente benéfica quando é possível monitorar os genótipos virais em um determinado país ou região e esta informação tem sido usada para documentar a interrupção da transmissão endêmica desta doença.

Define ainda, as características moleculares de co-circulação dos vírus selvagens e dos vírus vacinais e auxilia a epidemiologia clássica na monitoração da transmissão do vírus evidenciando o vínculo epidemiológico e a fonte viral (Rota et al, 2011 A). Vários países utilizam esta ferramenta para monitorar seus programas de erradicação do sarampo (Na Bk e cols, 2003; Rima e cols, 1995; Rota e cols, 2004; Santibanez e cols, 2002; Tipples e cols, 2004).

A caracterização genética do vírus do sarampo com proposta de vigilância, é realizada pelo sequenciamento da região dos genes que codificam para as proteínas de nucleoproteína (N) e/ou hemaglutinina (H), as quais contém a maior variabilidade genética no genoma viral.

A nomenclatura dos genótipos do vírus do sarampo foi definida por especialistas, participantes de um grupo de trabalho da OMS. Com base na análise comparativa de todas as sequências disponíveis para os genes N e H, do tipo selvagem do vírus do sarampo foram designados 8 grupos principais de A até H que são subdivididos em 24 genótipos, que apresentam distribuição geográfica característica.

Os dados moleculares permitem analisar a efetividade desses programas, ao detectar mudanças na distribuição temporal de genótipos virais em determinada área, registrando a interrupção da transmissão do vírus autóctone. A combinação da epidemiologia molecular e da classificação e notificação de casos fornece uma maneira sensível de descrever os caminhos de transmissão do sarampo. A epidemiologia molecular é especialmente benéfica quando é possível monitorar os genótipos virais em um determinado país ou região e esta informação tem sido usada para documentar a interrupção da transmissão endêmica desta doença.

Define ainda, as características moleculares de co-circulação dos vírus selvagens e dos vírus vacinais e auxilia a epidemiologia clássica na monitoração da transmissão do vírus evidenciando o vínculo epidemiológico e a fonte viral (Rota et al, 2011 A). Vários países utilizam esta ferramenta para monitorar seus programas de erradicação do sarampo (Na Bk e cols, 2003; Rima e cols, 1995; Rota e cols, 2004; Santibanez e cols, 2002; Tipples e cols, 2004).

A caracterização genética do vírus do sarampo com proposta de vigilância, é realizada pelo sequenciamento da região dos genes que codificam para as proteínas de nucleoproteína (N) e/ou hemaglutinina (H), as quais contém a maior variabilidade genética no genoma viral.

[Destaque] A nomenclatura dos genótipos do vírus do sarampo foi definida por especialistas, participantes de um grupo de trabalho da OMS. Com base na análise comparativa de todas as sequências disponíveis para os genes N e H, do tipo selvagem do vírus do sarampo foram designados 8 grupos principais de A até H que são subdivididos em 24 genótipos, que apresentam distribuição geográfica característica.

O número de genótipos identificados ao longo dos anos tem diminuído devido, principalmente, às grandes campanhas de vacinação e altas coberturas vacinais em diversos países, como pode ser observado nos mapas a seguir. Tais iniciativas promoveram a diminuição no número de casos, mortes e na

O número de genótipos identificados ao longo dos anos tem diminuído devido, principalmente, às grandes campanhas de vacinação e altas coberturas vacinais em diversos países, como pode ser observado nos mapas a seguir. Tais iniciativas promoveram a diminuição no número de casos, mortes e na variação dos genótipos encontrados nos vários países que fazem a epidemiologia molecular.

Saiba quantos genótipos temos circulando no mundo atualmente

Comparando os três mapas seguintes perceba que houve uma diminuição da quantidade de diferentes genótipos (diversidade) ao longo do tempo. Observe-se que em 2013 a 2015 tivemos um surto de sarampo nos estados de PE e CE, com identificação do genótipo D8. Já em 2018, um novo surto de sarampo se iniciou nos estados do AM e RR, com identificação do genótipo D8.

+ Classificação dos genótipos de sarampo

 Leitura Recomendada
[ROSA \(2020\) – PDF – 2,9 MB](#)

variação dos genótipos encontrados nos vários países que fazem a epidemiologia molecular.

Saiba quantos genótipos temos circulando no mundo atualmente

Comparando os três mapas seguintes perceba que houve uma diminuição da quantidade de diferentes genótipos (diversidade) ao longo do tempo. Observe-se que em 2013 a 2015 tivemos um surto de sarampo nos estados de PE e CE, com identificação do genótipo D8. Já em 2018, um novo surto de sarampo se iniciou nos estados do AM e RR, com identificação do genótipo D8.

[Sanfona] Classificação dos genótipos de sarampo

Leitura Recomendada
[ROSA \(2020\) – PDF – 2,9 MB](#)

Módulo 2 - Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular

Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo

Página 9/9 – Sanfona

- Classificação dos genótipos de sarampo

Observe a lista de genótipos de sarampo identificados globalmente. Destaca-se que a classificação padrão dos genótipos de sarampo é realizada por meio de análise das sequências de genes específicos do vírus do sarampo. A vigilância genômica permite identificar a origem e acompanhar a disseminação de surtos desta doença em escala global.

Conteúdo do Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo – Página 9/9 – Sanfona:

Classificação dos genótipos de sarampo

Observe a lista de genótipos de sarampo identificados globalmente. Destaca-se que a classificação padrão dos genótipos de sarampo é realizada por meio de análise das sequências de genes específicos do vírus do sarampo. A vigilância genômica permite identificar a origem e acompanhar a disseminação de surtos desta doença em escala global.

[Título da tabela] Genótipos de Sarampo Identificados globalmente

[Texto da tabela]

Genótipos

Descrição

Genótipos

Clados:

Genótipos de Sarampo Identificados globalmente

	Genótipos	Descrição
	A	Vaccine, pre-vaccine and recent wts
	B1	Africa, USA, Inactive
	B2	Africa, USA
	B3	Nigeria, China, USA
	C1	Japan 1984, Germany 1992
	C2	Central Europe, USA, Brazil, UK
	D1	UK 1974, Inactive
	D2	South Africa, Zambia
	D3	USA 1988-92, Japan, Phillipins

A – H

24 genótipos:

A, B1 - B3, C1 - C2, D1 - D10, E, F, G1 - G3, H1 - H2

Inativos:

B1, C1, D1, E, F e G1

A Vaccine, pre-vaccine and recent wts

B1 Africa, USA, Inactive

B2 Africa, USA

B3 Nigeria, China, USA

C1 Japan 1984, Germany 1992

C2 Central Europe, USA, Brazil, UK

D1 UK 1974, Inactive

D2 South Africa, Zambia

D3 USA 1988-92, Japan, Phillipins

D4 South Africa, USA, Pakistan, Iran, India

D5 Japan, Thailand, Palau, USA

D6 Central Europe, USA, Brazil, UK, Argentina, Chile

D7 Australia

D8 Ethiopia, India

D9 Thailand

D10 Uganda

D11 China

E Germany 1971, Inactive

F Spain 1965, Inactive

G1 USA 1943, Inactive

G2 Indonesia, Malaysia

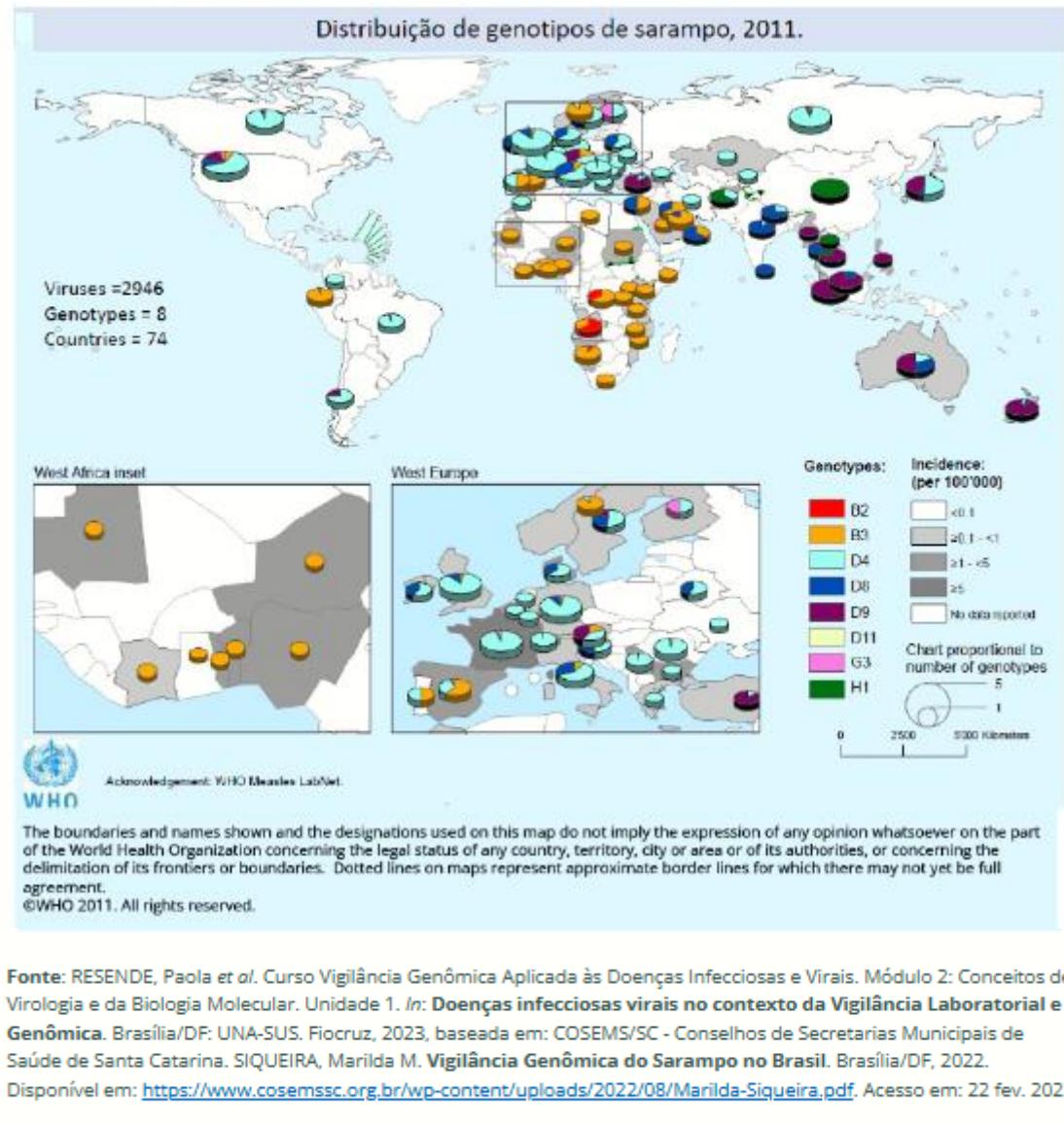
G3 East Timor, Australia

H1 China, USA, UK

H2 Viet Nan

Fonte: SILVA, Suelen Sares da. **Sarampo na Era da Eliminação no Brasil: Estudo de Surtos Recentes Baseado no Sequenciamento da Região Não Codificante do Genoma do Vírus.** 2018. 160 p.
Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical)
– Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro.

<p>Genótipos</p> <ul style="list-style-type: none"> Clados: A - H 24 genótipos: A, B1 - B3, C1 - C2, D1 - D10, E, F, G1 - G3, H1 - H2 Inativos: B1, C1, D1, E, F e G1 	D4	South Africa, USA, Pakistan, Iran, India		Janeiro/RJ, 2018. Disponível em: https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/34092 . Acesso em: 1 fev. 2023.
	D5	Japan, Thailand, Palau, USA		
	D6	Central Europe, USA, Brazil, UK, Argentina, Chile		
	D7	Australia		
	D8	Ethiopia, India		
	D9	Thailand		
	D10	Uganda		
	D11	China		
	E	Germany 1971, <i>Inactive</i>		
	F	Spain 1965, <i>Inactive</i>		
	G1	USA 1943, <i>Inactive</i>		
	G2	Indonesia, Malaysia		
	G3	East Timor, Australia		
	H1	China, USA, UK		
	H2	Viet Nan		
<p>Fonte: SILVA, Suelen Sares da. Sarampo na Era da Eliminação no Brasil: Estudo de Surtos Recentes Baseado no Sequenciamento da Região Não Codificante do Genoma do Vírus. 2018. 160 p. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical) - Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, 2018. Disponível em: https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/34092. Acesso em: 1 fev. 2023.</p>				



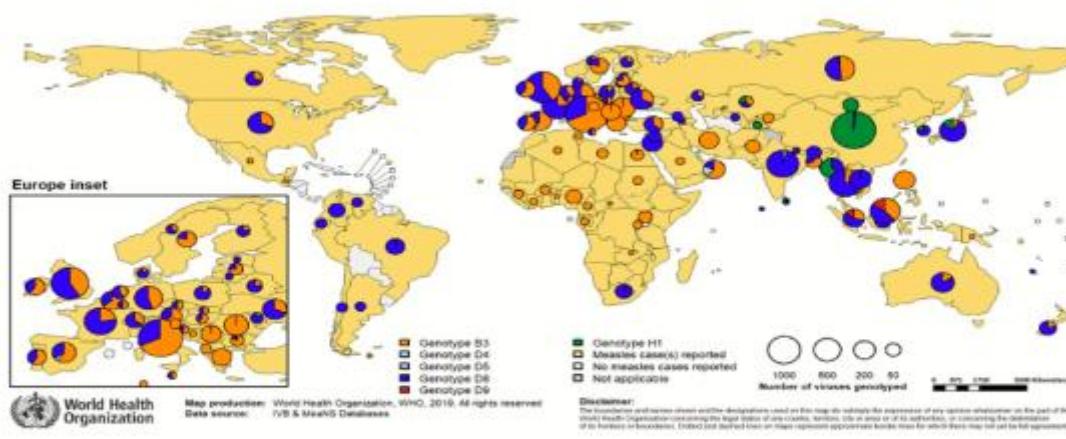
[Título da Imagem] Distribuição de genótipos de sarampo no mundo até 2018

Distribuição dos Genótipos de Sarampo no Mundo 2016-2018

[Fonte da Imagem] Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: COSEMS/SC - Conselhos de Secretarias Municipais de Saúde de Santa Catarina. SIQUEIRA, Marilda M. Vigilância Genômica do Sarampo no Brasil. Brasília/DF, 2022. Disponível em: <https://www.cosemssc.org.br/wp-content/uploads/2022/08/Marilda-Siqueira.pdf>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Distribuição de genótipos de sarampo no mundo até 2018

Distribuição dos Genótipos de Sarampo no Mundo 2016-2018



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: COSEMS/SC - Conselhos de Secretarias Municipais de Saúde de Santa Catarina. SIQUEIRA, Marilda M. Vigilância Genômica do Sarampo no Brasil. Brasília/DF, 2022.
Disponível em: <https://www.cosemssc.org.br/wp-content/uploads/2022/08/Marilda-Siqueira.pdf>. Acesso em: 22 fev. 2023.

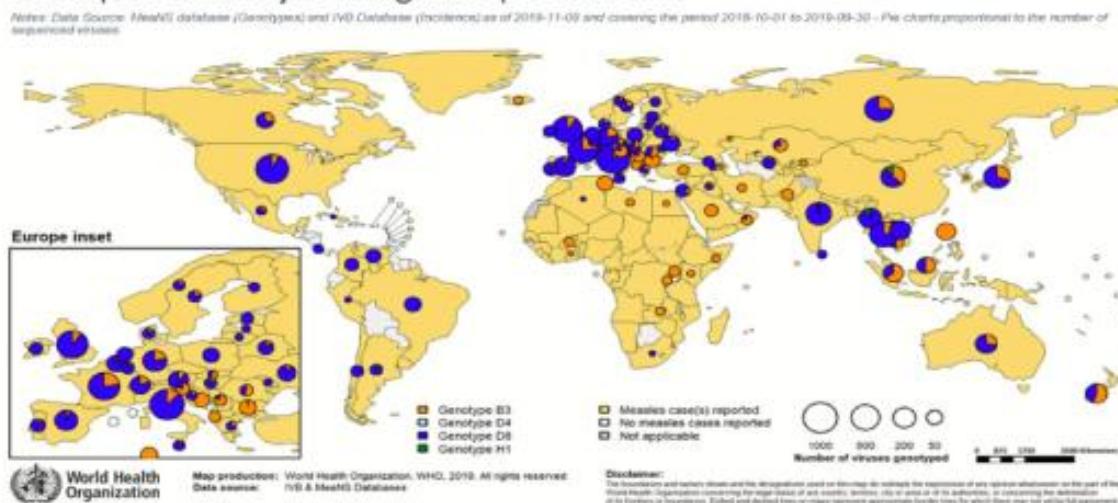
[Título da Imagem] Distribuição de genótipos de sarampo no mundo em 2019

Pressão da Vacina afetando a diversidade dos Genótipos de sarampo. Distribuição dos genótipos em 2019

[Fonte da Imagem] Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: COSEMS/SC - Conselhos de Secretarias Municipais de Saúde de Santa Catarina. SIQUEIRA, Marilda M. Vigilância Genômica do Sarampo no Brasil. Brasília/DF, 2022. Disponível em: <https://www.cosemssc.org.br/wp-content/uploads/2022/08/Marilda-Siqueira.pdf>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Distribuição de genótipos de sarampo no mundo em 2019

Pressão da Vacina afetando a diversidade dos Genótopos de sarampo. Distribuição dos genótipos em 2019



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceitos de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023, baseada em: COSEMS/SC - Conselhos de Secretarias Municipais de Saúde de Santa Catarina. SIQUEIRA, Marilda M. Vigilância Genômica do Sarampo no Brasil. Brasília/DF, 2022. Disponível em: <https://www.cosemssc.org.br/wp-content/uploads/2022/08/Marilda-Siqueira.pdf>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Como podemos saber se os vírus que circularam no nordeste do Brasil em 2013-2015 realmente foi contido no país, e não continuou circulando e foi somente observado em 2018?

Na árvore filogenética podemos ver que todas as sequências de amostras positivas para sarampo do surto de 2019 que foram sequenciados estão agrupadas no que chamamos de "cluster". Isso indica a grande associação das amostras entre si, e permite identificar o genótipo responsável por este surto.

De igual modo, a vigilância genômica permitiu a identificação dos genótipos responsáveis por surtos em um navio de cruzeiro (2019) e surtos anteriores ocorridos no país entre 2013 e 2018 (cluster no topo da árvore, genótipo D8). O cluster foi colapsado, mas o cone preto indica dezenas de sequências associadas).

Como podemos saber se os vírus que circularam no nordeste do Brasil em 2013-2015 realmente foi contido no país, e não continuou circulando e foi somente observado em 2018?

Na árvore filogenética podemos ver que todas as sequências de amostras positivas para sarampo do surto de 2019 que foram sequenciados estão agrupadas no que chamamos de "cluster". Isso indica a grande associação das amostras entre si, e permite identificar o genótipo responsável por este surto.

De igual modo, a vigilância genômica permitiu a identificação dos genótipos responsáveis por surtos em um navio de cruzeiro (2019) e surtos anteriores ocorridos no país entre 2013 e 2018 (cluster no topo da árvore, genótipo D8). O cluster foi colapsado, mas o cone preto indica dezenas de sequências associadas).

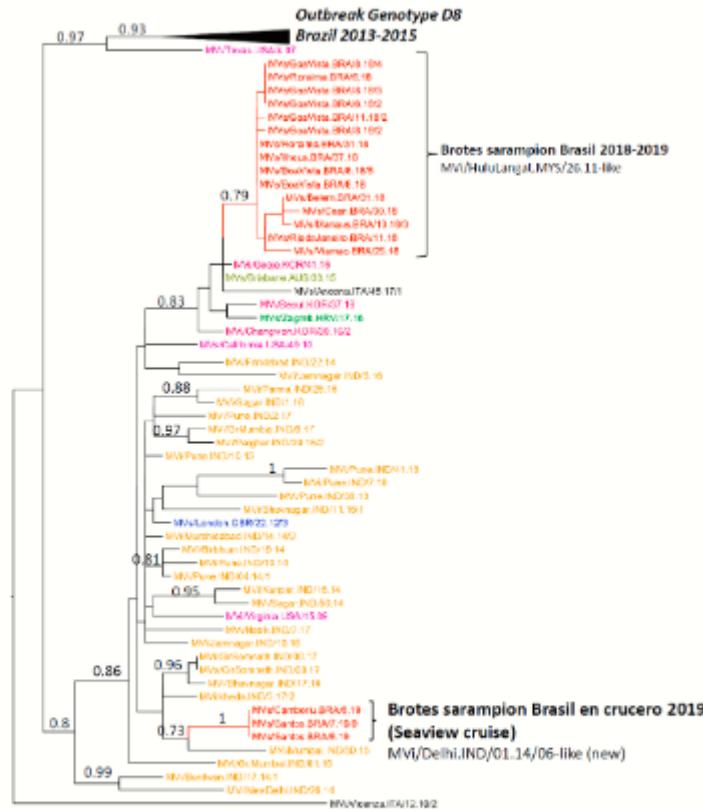
[Título da Imagem] Árvore Filogenética

[Fonte da Imagem] **Fonte:** RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceito de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023. CONSELHOS de Secretarias Municipais de Saúde de Santa Catarina. SIQUEIRA, Marilda M. VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARAMPO NO BRASIL. Brasília/DF, 2022. Disponível em: <https://www.cosemssc.org.br/wp-content/uploads/2022/08/Marilda-Siqueira.pdf>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Árvore Filogenética

D8
Genotype
MF-UTR

Brazil
Korea
Switzerland
Italia
Australia
India
United States
United Kingdom



Fonte: RESENDE, Paola et al. Curso Vigilância Genômica Aplicada às Doenças Infecciosas e Virais. Módulo 2: Conceito de Virologia e da Biologia Molecular. Unidade 1. In: Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica. Brasília/DF: UNA-SUS. Fiocruz, 2023. CONSELHOS de Secretarias Municipais de Saúde de Santa Catarina. SIQUEIRA, Marilda M. VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARAMPO NO BRASIL. Brasília/DF, 2022. Disponível em: <https://www.cosemssc.org.br/wp-content/uploads/2022/08/Marilda-Siqueira.pdf>. Acesso em: 22 fev. 2023.

Observando os mapas a seguir, que retratam análises de outras regiões do genoma viral, a região MF, mostraram que o genótipo D8 detectado em 2018 e 2019, apresentam diferenças genômicas com o genótipo D8 detectado nos surtos de 2013 a 2015, portanto não evidenciando a mesma cadeia de transmissão.

O genótipo D8 do surto de 2018 apresentou 100% de identidade genômica com o genótipo D8 detectado na Venezuela, sequenciado durante a epidemia recente daquele país. Análises de epidemiologia clássica, também, mostraram a introdução do vírus do sarampo nos estados de RR e AM por imigrantes doentes vindos da Venezuela. Em termos epidemiológicos, os surtos só ocorreram no Brasil devido a baixas coberturas vacinais da nossa população.

Em 2018, a linhagem que circulou no Brasil do genótipo D8 foi a linhagem Hulu Langat, a mesma que circulou na Venezuela e em vários outros países latino americanos. Esta linhagem circulou no nosso país por mais de 12 meses, portanto, de acordo com os critérios da OMS, perdemos a certificação da eliminação do sarampo em março de 2019.

Observando os mapas a seguir, que retratam análises de outras regiões do genoma viral, a região MF, mostraram que o genótipo D8 detectado em 2018 e 2019, apresentam diferenças genômicas com o genótipo D8 detectado nos surtos de 2013 a 2015, portanto não evidenciando a mesma cadeia de transmissão.

O genótipo D8 do surto de 2018 apresentou 100% de identidade genômica com o genótipo D8 detectado na Venezuela, sequenciado durante a epidemia recente daquele país. Análises de epidemiologia clássica, também, mostraram a introdução do vírus do sarampo nos estados de RR e AM por imigrantes doentes vindos da Venezuela. Em termos epidemiológicos, os surtos só ocorreram no Brasil devido a baixas coberturas vacinais da nossa população.

Em 2018, a linhagem que circulou no Brasil do genótipo D8 foi a linhagem Hulu Langat, a mesma que circulou na Venezuela e em vários outros países latino americanos. Esta linhagem circulou no nosso país por mais de 12 meses, portanto, de acordo com os critérios da OMS, perdemos a certificação da eliminação do sarampo em março de 2019.

A epidemia de 2019, com identificação do genótipo D8, linhagem Gir Sommath, se espalhou para todo o Brasil a partir de São Paulo e continua circulando até o momento (setembro de 2022).

O vírus do sarampo tem um genoma bem estável, de modo que a sua evolução ocorre muito lentamente, diferentemente do que observamos para o SARS-COV-2, o vírus da COVID.

Como podemos saber se este genótipo de sarampo continua o mesmo após estar circulando no nosso país desde 2019? Teve introdução de novos vírus de outros países durante esta epidemia?

Comparando as sequências de amostras de distintos países e associando a análise das sequências aos dados epidemiológicos das amostras sequenciadas, é possível estimar datas de introdução de genótipos no país, bem como rastrear disseminação e dinâmica do surto em diferentes regiões do país.

A epidemia de 2019, com identificação do genótipo D8, linhagem Gir Sommath, se espalhou para todo o Brasil a partir de São Paulo e continua circulando até o momento (setembro de 2022).

O vírus do sarampo tem um genoma bem estável, de modo que a sua evolução ocorre muito lentamente, diferentemente do que observamos para o SARS-COV-2, o vírus da COVID.

Como podemos saber se este genótipo de sarampo continua o mesmo após estar circulando no nosso país desde 2019? Teve introdução de novos vírus de outros países durante esta epidemia?

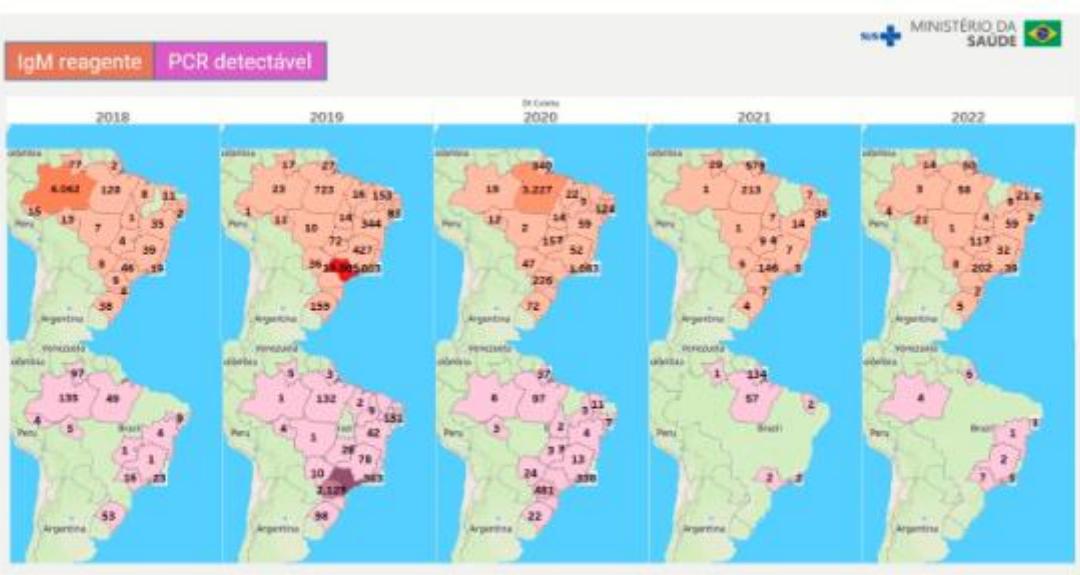
Comparando as sequências de amostras de distintos países e associando a análise das sequências aos dados epidemiológicos das amostras sequenciadas, é possível estimar datas de introdução de genótipos no país, bem como rastrear disseminação e dinâmica do surto em diferentes regiões do país.

IgM reagente
PCR detectável

MINISTÉRIO DA SAÚDE

Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. **GAL/MS:** Gerenciamento de Ambiente Laboratorial. Ministério da Saúde: Brasília/DF, [2022?]. Disponível em: <https://gal.saude.ms.gov.br/gal/>. Acesso em: 22 nov. 2023.

Leitura Recomendada
[ROSA \(2020\) – PDF – 2,9 MB](#)



Fonte: BRASIL. Ministério da Saúde. GAL/MS: Gerenciamento de Ambiente Laboratorial. Ministério da Saúde: Brasília/DF, [2022?]. Disponível em: <https://gal.saude.ms.gov.br/gal/>. Acesso em: 22 nov. 2023.

 Leitura Recomendada
[ROSA \(2020\)](#) — PDF — 2,9 MB

Unidade 1 - Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica

Comentário final da Unidade 1

Página 1/1 – Comentário dos autores

Unidade 1 - Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica

Comentário Final da Unidade 1

□ Comentário dos Autores

Neste recurso educacional você aprendeu a respeito das doenças infecciosas no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.

A pandemia causada pela covid-19 alertou para uma importância global do acompanhamento das milhares de variantes do vírus SARS-CoV-2 que continuam circulando no mundo. A velocidade de espalhamento do SARS-CoV-2 e o número acelerado de mutações mostrou que algumas mudanças no genótipo do vírus provocam vantagens evolutivas, escape do sistema imune, enquanto outras não são significativas. Entretanto, apesar do destaque no texto para a COVID-19, o aparecimento de mutações é um evento natural e esperado dentro do processo evolutivo dos vírus, particularmente de vírus RNA. Dessa forma, a vigilância das doenças virais, com especial atenção para a vigilância genômica, são de extrema importância para a saúde pública no enfrentamento dos agravos causados por elas, e na adoção de medidas de prevenção e controle das doenças.

Ao longo dessa primeira unidade deste recurso educacional, nós apresentamos os conceitos da vigilância epidemiológica, genômica e laboratorial, e em como as informações geradas por essa vigilância são relevantes para acompanhar mudanças no cenário epidemiológico de doenças virais emergentes e reemergentes, monitorar as relações na tríade homem, animal e ambiente e como as doenças podem emergir dessa interação.

Explicamos o que são os vírus e abordamos as viroses respiratórias, como os vírus Influenza e Sars-CoV-2, as arboviroses, representadas nesse módulo pelos vírus dengue, chikungunya, Zika, Febre Amarela, Mayaro e Oropouche, e viroses exantemáticas, com um conteúdo final da unidade todo dedicado ao sarampo.

Destacamos alguns mecanismos por meio dos quais acontecem as alterações genéticas, como essas alterações podem acarretar mudanças no cenário epidemiológico e como esse cenário precisa ser monitorado, por exemplo, para iniciativas de prevenção, como as vacinas.

Siga para o próximo recurso educacional para aprofundar toda a abordagem laboratorial, em todas as fases, pré-analítica, analítica e pós-analítica, para que você seja capaz de compreender todas as etapas que envolvem a vigilância laboratorial e genômica.

Conteúdo do Tópico: Vigilância Virológica do Sarampo – Página 1/1 – Comentário dos autores:

Unidade 1 - Doenças infecciosas virais no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica

Comentário Final da Unidade 1

Comentário dos Autores

Neste recurso educacional você aprendeu a respeito das doenças infecciosas no contexto da Vigilância Laboratorial e Genômica.

A pandemia causada pela covid-19 alertou para uma importância global do acompanhamento das milhares de variantes do vírus SARS-CoV-2 que continuam circulando no mundo. A velocidade de espalhamento do SARS-CoV-2 e o número acelerado de mutações mostrou que algumas mudanças no genótipo do vírus provocam vantagens evolutivas, escape do sistema imune, enquanto outras não são significativas. Entretanto, apesar do destaque no texto para a COVID-19, o aparecimento de mutações é um evento natural e esperado dentro do processo evolutivo dos vírus, particularmente de vírus RNA. Dessa forma, a vigilância das doenças virais, com especial atenção para a vigilância genômica, são de extrema importância para a saúde pública no enfrentamento dos agravos causados por elas, e na adoção de medidas de prevenção e controle das doenças.

Ao longo dessa primeira unidade deste recurso educacional, nós apresentamos os conceitos da vigilância epidemiológica, genômica e laboratorial, e em como as informações geradas por essa vigilância são relevantes para acompanhar mudanças no cenário epidemiológico de doenças virais emergentes e reemergentes, monitorar as relações na tríade homem, animal e ambiente e como as doenças podem emergir dessa interação.

Explicamos o que são os vírus e abordamos as viroses respiratórias, como os vírus Influenza e Sars-CoV-2, as arboviroses, representadas nesse módulo pelos vírus dengue, chikungunya, Zika, Febre Amarela, Mayaro e Oropouche, e

vírus exantemáticas, com um conteúdo final da unidade todo dedicado ao sarampo.

Destacamos alguns mecanismos por meio dos quais acontecem as alterações genéticas, como essas alterações podem acarretar mudanças no cenário epidemiológico e como esse cenário precisa ser monitorado, por exemplo, para iniciativas de prevenção, como as vacinas.

Siga para o próximo recurso educacional para aprofundar toda a abordagem laboratorial, em todas as fases, pré-analítica, analítica e pós-analítica, para que você seja capaz de compreender todas as etapas que envolvem a vigilância laboratorial e genômica.