

NOTA TÉCNICA

VIGILÂNCIA GENÔMICA
RASTREIO E MONITORAMENTO
DA CIRCULAÇÃO DE NOVAS
VARIANTES DE PREOCUPAÇÃO
DO SARS-COV-2 NO CEARÁ

Ceará, 30/06/2021



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO
SECRETARIA DA SAÚDE

APRESENTAÇÃO

A **Secretaria de Vigilância e Regulação em Saúde – SEVIR** por meio da **Coordenadoria de Vigilância Epidemiológica e Prevenção em Saúde – COVEP** – Célula de Informação e Respostas às Emergências em Saúde Pública – CEREM - Centro de Informações Estratégicas em Vigilância em Saúde – CIEVS e em parceria com a FIOCRUZ/CE, vem atualizar as informações sobre a vigilância genômica, rastreamento e monitoramento de novas variantes de preocupação no estado do Ceará.

Elaboração:

Fábio Myajima
Nicole Silva França
Tatiana Cisne Souza

Revisão:

Kelvia Maria Oliveira Borges
Magda Moura Almeida
Sheila Maria Santiago



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO
SECRETARIA DA SAÚDE

GLOSSÁRIO

Mutações

Uma **MUTAÇÃO** é uma **mudança qualitativa ou quantitativa que ocorre de forma aleatória no genoma viral**. Essas alterações ocorrem com certa frequência e **não necessariamente tornam o vírus mais competente ou mais transmissível**. Por isso, a importância de se realizar vigilância genômica, não somente para se confirmar a existência de mutações definidoras de linhagens já circulantes, mas também para se monitorar prospectivamente novas alterações que possam apresentar vantagem seletiva e consequente aumento abrupto de circulação, podendo dar origem a novas **variantes de preocupação (VOCs)**. Exemplos, mutações na proteína da espícula (S) nas seguintes posições: **501** (presente nas VOCs brasileira, britânica e sul-africana), e **484** (presente nas VOCs brasileira, sul-africana e indiana).

GLOSSÁRIO

Variantes e Linhagens

Uma **VARIANTE** pode ser entendida como um vírus que se modificou durante o processo de replicação e cuja população descendente conseguiu se fixar na natureza, podendo ou não apresentar vantagens seletivas em relação ao seu ancestral. Com o sequenciamento genômico total é possível identificar-se através de avaliações seriais e comparações filogenéticas, quando um dado mutante começa a aparecer e se expandir. Ou seja, uma **variante** é um mutante que carrega uma determinada mutação ou conjunto delas, sendo que sua versão **ancestral (ou original)** pode dar origem a diversas variantes, cada uma com uma modificação ou um conjunto distinto. Variantes ditas de preocupação (**VOCs**) possuem vantagens seletivas, apresentando aumento repentino de circulação. Seu status é atribuído pela OMS e quatro VOCs são atualmente reconhecidas, originárias de ancestrais distintos:

B.1.1.7 / 20I / 501Y.V1 (Alfa) – identificada inicialmente no Reino Unido em setembro de 2020.

B.1.351 / 20C / 501Y.V2 (Beta) – encontrada na África do Sul em maio de 2020.

P.1 / 20J / 501Y.V3 (Gama) – detectada inicialmente em Manaus em novembro de 2020.

B.1.617.2 / 21A / 478K (Delta) – inicialmente encontrada na Índia em outubro de 2020.

Linhagem é um **conjunto de variantes** que se originaram de um vírus ancestral comum e, portanto, apresentam um grau elevado de homologia.

GLOSSÁRIO

B.1.1.7 / 20I / 501Y.V1 (Alfa) – identificada inicialmente no Reino Unido em setembro de 2020.

B.1.351 / 20C / 501Y.V2 (Beta) – encontrada na África do Sul em maio de 2020.

P.1 / 20J / 501Y.V3 (Gama) – detectada inicialmente em Manaus em novembro de 2020.

B.1.617.2 / 21A / 478K (Delta) – inicialmente encontrada na Índia em outubro de 2020.

Linhagem é um conjunto de variantes que se originaram de um vírus ancestral comum e, portanto, apresentam um grau elevado de homologia.

Cepas

Uma CEPA é uma variante ou um grupo de variantes, podendo ou não ser dentro de uma mesma linhagem, e que morfologicamente ou fenotipicamente se comportam de forma distinta em relação ao ancestral. Portanto, cepas circulantes de SARS-CoV2 podem ser de linhagens diferentes (por exemplo, as do Brasil, da África do Sul e do Reino Unido), ou alternativamente uma mesma linhagem pode ter várias cepas distintas. Todas as cepas são variantes, mas nem todas as variantes são cepas porque estas requerem modificações adicionais, não somente genéticas.

1 INTRODUÇÃO

Todos os vírus, incluindo o SARS-CoV-2 sofrem e acumulam mutações. Essas alterações no código genético acontecem à medida que o vírus se replica, espalha e estabelece em um nicho ecológico. A maioria das mutações são inócuas, algumas podem até ser prejudiciais à sobrevivência do vírus (pressão seletiva negativa), mas outras podem torná-lo mais infeccioso e competente para o hospedeiro (pressão seletiva positiva).

Desta forma, baseado em um conjunto de mutações específicas em seu material genético (consideradas assinaturas moleculares), cientistas definiram distintas linhagens/variantes que atualmente circulam no mundo (OPAS, 2021). Algumas variantes tem apresentado maior potencial pandêmico de transmissão, sendo tecnicamente denominadas de Variantes de Preocupação (VOC, do inglês Variant of Concern), cujo status é reconhecido pela OMS.

Atualmente 4 variantes de SARS-CoV-2 são consideradas como VOCs, emergindo de linhagens distintas e de regiões geográficas distintas (continentes). As VOCs possuem códigos ou nomenclaturas distintas dependendo do sistema de classificação utilizado (sistema OMS, Pangolin, GISAID, Nextstrain). Abaixo um resumo:

Tabela 1 – Variantes de Preocupação (VOC) segundo nomenclatura, origem e data de designação.

Código OMS	Pango linhagem	GISAID clado/linhagem	Nextstrain clado	Primeiras amostras documentadas	Data da designação (OMS)
Alfa	B.1.1.7	GRY (GR/501Y.V1)	20I (V1)	Reino Unido, Set-2020	18-Dec-2020
Beta	B.1.351	GH/501Y.V2	20H (V2)	África do Sul, Mai-2020	18-Dec-2020
Gama	P.1	GR/501Y.V3	20J (V3)	Brasil, Nov-2020	11-Jan-2021
Delta	B.1.617.2	G/478K.V1	21A	Índia, Out-2020	11-Mai-2021

Fonte: WHO, disponível em: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>

Todas possuem em comum um conjunto de mutações que as tornam mais adaptadas, competentes, infecciosas e/ou transmissíveis quando comparados com outras variantes/linhagens circulantes. Também estão associadas com maior capacidade de evasão do sistema imunológico e menor efetividade vacinal (WIBMER et al. 2021).

Apesar de sua recente emergência e haver uma região ou país de origem, as VOCs tiveram uma rápida expansão global e têm apresentado altas taxas de circulação em diversos outros países no mundo. Cada uma das 4 VOCs reconhecidas atualmente, originou em países localizados em continentes distintos, demonstrando a contínua evolução e capacidade adaptativa do SARS-CoV2 a diferentes condições sócio-demográficas e geoclimáticas.

2 CENÁRIO EPIDEMIOLÓGICO MUNDIAL

A variante Alfa do Reino Unido já foi registrada em 83 países, inclusive no Brasil, e a variante Beta da África do Sul em 40 países, enquanto que a variante Gama (também chamada de P.1) é originária do Brasil e a que apresenta a maior taxa de circulação no país, além de já ter sido documentada em pelo menos 21 outros países (BRASIL, 2021).

Mais recentemente, nota-se que a variante Delta (chamada de variante indiana) é a que apresenta a maior taxa de expansão global no momento.

A emergência de VOCs e variantes de interesse (VOI) pelo mundo estão intimamente associadas com o recrudescimento da pandemia da COVID-19 após períodos de aparente estabilidade no segundo semestre de 2020. O ressurgimento de uma grande onda pandêmica em 2021 no Brasil, é atribuído em grande parte à emergência e rápida disseminação da variante gama (VOC P.1), do estado do Amazonas para outras regiões do país.

A variante gama, em função da sua maior adaptabilidade, competência viral (maior infecciosidade e taxa de transmissão) e provável capacidade de evasão do sistema imunológico em comparação com outras linhagens circulantes, se tornou predominante no Brasil e está diretamente associada com o aumento no número de casos primários e de reinfecção, e nas taxas de hospitalização e mortalidade observados no ano de 2021 pelo país.

Os primeiros casos de transmissão comunitária da variante gama fora do Estado do Amazonas foram documentados a partir do mês de janeiro de 2021 em outras regiões do país, inclusive no estado do Ceará (<https://www.saude.ce.gov.br/2021/02/08/sesa-confirma-deteccao-de-variante-do-coronavirus-oriunda-de-manauas-em-tres-pacientes-no-ceara/>).

Devido ao seu maior potencial de transmissão, reinfecção e evasão do sistema imunológico, mesmo em indivíduos já vacinados, é imperativo que haja um sistema de vigilância ativa, não somente apto para o monitoramento de VOCs, exemplificado pela variante gama, como para a contínua avaliação da população viral circulante e de mutações evolutivas de interesse epidemiológico e sanitário. Neste sentido, a investigação de amostras representativas e de casos inusitados para fins de vigilância genômica está sendo conduzida em diversas regiões do país, particularmente sob a orientação do Ministério da Saúde.

3 CENÁRIO EPIDEMIOLÓGICO - CEARÁ

Diante do atual cenário descrito, no dia 20 de janeiro de 2021, a Secretaria de Saúde do Estado do Ceará SESA/CE, através da Coordenadoria de Vigilância Epidemiológica e Prevenção em Saúde – COVEP, e em parceria com o HEMOCE e Fundação Oswaldo Cruz, deu início aos trabalhos de busca ativa, coleta de amostras e acompanhamento de casos importados através do monitoramento de viajantes sintomáticos, com suspeita de Covid-19, e que estiveram em áreas com circulação comprovada de VOCs, particularmente no estado do Amazonas. Além destes, também foram monitorados os indivíduos que estiveram em contato com essas pessoas (contactantes diretos), e desenvolveram sintomas.

Desta forma, foi estabelecido as bases para a implantação da rede estadual de vigilância genômica com fluxo de amostras suspeitas encaminhados ao laboratório de assistência diagnóstica da COVID-19 localizado no Hemoce para confirmação do diagnóstico da COVID-19 e exames sorológicos de anticorpos, além da realização das triagens amostrais, testes de inferência molecular para VOCs, e sequenciamentos por intermédio da Rede Fiocruz de Vigilância Genômica.

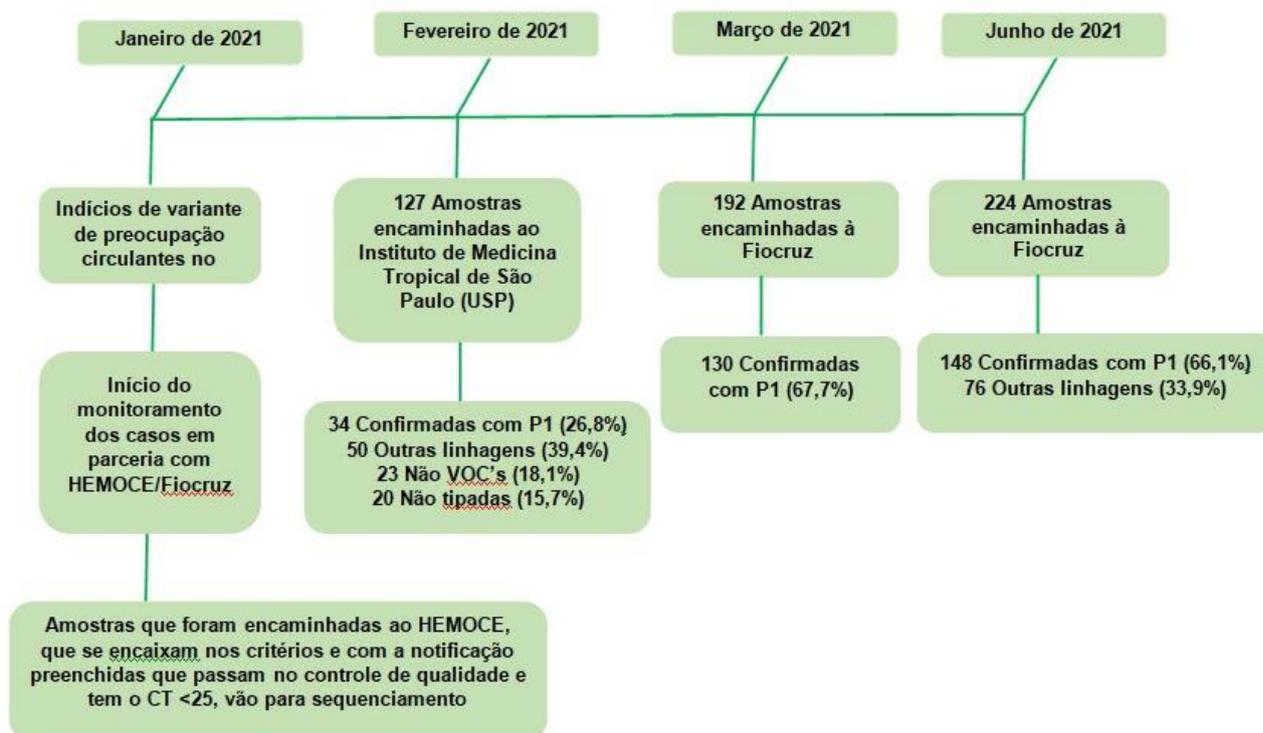
Em 26 de fevereiro o Instituto de Medicina Tropical de São Paulo, da Universidade de São Paulo (USP) analisou 127 amostras provenientes do Ceará, destas amostras, 45 foram eleitas para análise, e em 36 amostras foi identificada a variante P1 já circulante em outros estados do Brasil.

Em análise preliminar emitida no dia 05 de março, a FIOCRUZ/CE relatou que analisou 192 amostras com CT <25, pelo método de inferência, coletadas entre os dias 14 e 15 de fevereiro de 2021, e em 131 (68%) amostras foi identificadas a presença da nova variante.

Até meados de junho de 2021, foram realizados pelos laboratorios do HEMOCE e Rede Fiocruz de Vigilancia Genomica um total de 1611 exames diagnósticos de amostras encaminhadas pelo CIEVS, dos quais 948 retornaram resultado detectável, a maior parte também avaliados por teste molecular de inferência para VOCs, 428 passaram no controle de qualidade inicial, 223 foram sequenciados e outros 42 estão em análise.

A figura 1 mostra a linha do tempo de sequenciamento de amostras do Ceará na Rede de Vigilância Genômica e a figura 2 mostra as amostras do Ceará enviadas para estudo à Rede de Vigilância Genômica Fiocruz.

Figura 1. Linha do tempo da Vigilância Genômica, Ceará, 2021



Fonte: CIEVS/CEREM/COVEP, USP, FIOCRUZ, HEMOCE – 2021

Até o dia 16 de junho de 2021, foram comunicados ao CIEVS 1178 casos suspeitos de COVID-19 por transmissão de variante de preocupação (VOC), destas 74 notificações tem mais de um critério associado.

A tabela 1 mostra o número e o percentual dos casos notificados de acordo com a indicação de notificação e a tabela 2 mostra os casos que tiveram mais de uma indicação de notificação.

Tabela 2. Casos suspeitos de contaminação por VOC segundo indicação de notificação, Ceará, 2021

TRIAGEM	N	%
VIAJANTE	312	24,92
CONTACTANTE	174	13,90
SINTOMAS DE COVID 19 PÓS VACINAÇÃO	384	30,67
ÓBITOS OU CASOS GRAVES COM INTERNAÇÃO	37	2,96
CASO SUSPEITO DE REINFECÇÃO	214	17,09
NÃO CONFORMIDADE	131	10,46
TOTAL GERAL	1252	100

Fonte: SESA/COVEP/CEREM/CIEVS CEARÁ, 2021.

*Dados sujeitos à alteração

Tabela 3. Casos suspeitos de contaminação por VOC com mais de um critério associado de indicação de notificação, Ceará, 2021*

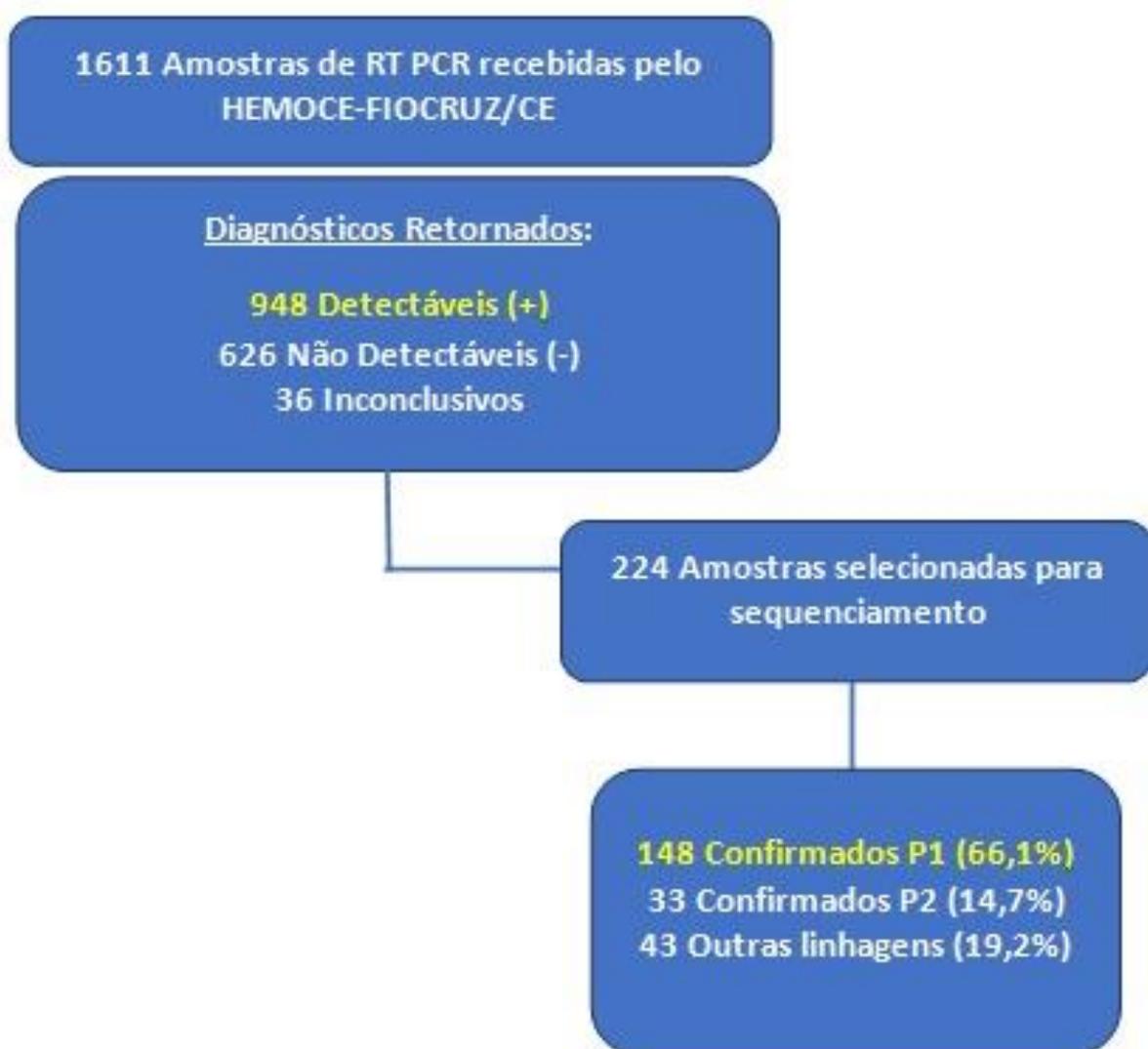
CRITÉRIOS ASSOCIADOS	N	%
VIAJANTE + PÓS VACINA	4	5,41
VIAJANTE + ÓBITOS/CASOS GRAVES	1	1,35
VIAJANTE + REINFECÇÃO	12	16,22
CONTACTANTE + ÓBITO/CASOS GRAVES	1	1,35
CONTACTANTE + CASOS SUSPEITOS DE REINFECÇÃO	2	2,70
PÓS VACINA + CASOS SUSPEITOS DE REINFECÇÃO	52	70,27
ÓBITOS/CASOS GRAVES + CASOS SUSPEITOS DE REINFECÇÃO	2	2,70
TOTAL GERAL	74	100

Fonte: SESA/COVEP/CEREM/CIEVS CEARÁ, 2021.

*Dados sujeitos à alteração

No que se refere ao estado de residência, observa-se que **58 (4,9%) são residentes do estado do Amazonas, 1067 (90,6%) do Ceará**, 01 (0,1%) do Maranhão, 01 (0,1%) de Minas Gerais, 05 (0,4%) do Pará, 01 (0,1%) da Paraíba, 01 (0,1%) de Pernambuco, 04 (0,4%) do Piauí, 13 (1,1%) do Rio de Janeiro, 01 (0,1%) do Rio Grande do Norte, 02 (0,2%) do Rio Grande do Sul, 01 (0,1%) de Rondônia, 02 (0,2%) de Roraima, 01 (0,1%) de Santa Catarina, 19 (1,7%) de São Paulo e 01 (0,1%) de Sergipe.

Figura 2. Amostras do Ceará enviadas para estudo à Rede de Vigilância Genômica Fiocruz, 2021*



Em relação as amostras do estado, até 01 de julho de 2021, 224 amostras foram seqüenciadas, destas a variante de preocupação que teve maior predominância foi a **Gamma (VOCP.1)**. O município de residência de Fortaleza teve o maior número de amostras seqüenciadas com 53,1% (119/224).

Tabela 4. Número e percentual de amostras seqüenciadas segundo município e linhagens, Ceará, 2021

MUNICÍPIO	SEQUENCIAS	% DO CE	N LINHAGENS	LINHAGENS
ABAIARA	1	0,4	1	P.1
ANTONINA DO NORTE	1	0,4	1	P.1
ARACATI	2	0,9	1	P.1
ARARIPE	1	0,4	1	P.2
BARBALHA	1	0,4	1	P.1
BREJO SANTO	1	0,4	1	P.1
CAMPOS SALES	1	0,4	1	P.2
CASCAVEL	2	0,9	1	B.1.1.33
CAUCAIA	6	2,7	3	P.1, P.2, B.1.1.33
CRATO	3	1,3	2	P.1, P.2
FORTALEZA	119	53,1	12	B.1.1, B.1.1.143, B.1.1.219, B.1.1.28, B.1.1.282, B.1.1.33, B.1.1.34, B.1.1.44, N.9, P.1, P.1.2, P.2
FORTIM	1	0,4	1	P.1
GUAJARA-MIRIM	1	0,4	1	P.1
GUARACIABA DO NORTE	1	0,4	1	P.1
HORIZONTE	1	0,4	1	B.1.1.33
ICÓ	2	0,9	2	P.1, P.2
IPU	2	0,9	2	B.1.1, P.1
IRACEMA	1	0,4	1	P.1
ITAIINGA	1	0,4	1	B.1
ITAPIPOCA	2	0,9	1	P.1
JAGUARUANA	1	0,4	1	P.1
JARDIM	1	0,4	1	P.1
JUAZEIRO DO NORTE	1	0,4	1	P.1
LIMOEIRO DO NORTE	2	0,9	1	P.1
MANAUS	5	2,2	1	P.1
MARACANAÚ	1	0,4	1	P.1.2
MILAGRES	14	6,3	1	P.1
MILHA	1	0,4	1	P.1
MORADA NOVA	1	0,4	1	P.1
MORAUJO	1	0,4	1	P.1
NATAL	1	0,4	1	P.2
ORÓS	8	3,6	2	P.1, P.1.2
PACAJUS	2	0,9	2	B.1.1.28, P.1
PALMÁCIA	1	0,4	1	P.1
PARACURU	1	0,4	1	B.1.1.33
PENTECOSTE	2	0,9	2	P.1, P.2
PIQUET CARNEIRO	1	0,4	1	P.1
QUIXADA	1	0,4	1	P.1
QUIXERÉ	1	0,4	1	P.2
RIO DE JANEIRO	2	0,9	1	P.2
RUSSAS	2	0,9	1	B.1.1.33, P.1
SANTA QUITERIA	2	0,9	1	P.1
SANTANA DO ACARAU	1	0,4	1	P.1
SÃO GONÇALO DO AMARANTE	1	0,4	1	B.1.1.28
SÃO LUIS DO CURU	1	0,4	1	P.1
SOBRAL	1	0,4	1	P.1
SOROCABA	1	0,4	1	N.9
TABULEIRO DO NORTE	1	0,4	1	P.1
TIANGUÁ	16	7,1	1	P.1

TOTAL DE MUNICÍPIOS: 49
TOTAL DE SEQUENCIAMENTOS: 224

Apesar de se haver confirmado a predominância da variante Gama (VOC P1) no estado do Ceará, assim como em todos os estados da Federação, os serviços de vigilância genômica ativa, além de mantidos, necessitam ser expandidos para geração de conhecimentos e subsídio de evidência nos processos decisórios dos serviços de vigilância da COVID-19.

O monitoramento constante, prospectivo e georreferenciado será fundamental para se permitir adequada avaliação dos níveis de circulação de VOCs e da população viral nos municípios do estado, bem como monitorar-se sinais de alerta, permitindo uma resposta rápida em relação a alterações evolutivas de importância sanitária. Reitera-se que a grande maioria das sequências da mesma variante não são idênticas, podendo haver significantes diferenças entre amostras de uma mesma linhagem, particularmente variantes Gama em que as taxas de mutações são mais frequentes e a evolução da linhagem mais rápida.

Além disso, existe o claro papel de se realizar a investigação e identificação de outras variantes emergentes, como as VOCs variantes Alfa (B.1.1.7) e Delta (B.1.617.2), já detectadas em outros estados brasileiros, além de outras passíveis de serem importadas de viajantes advindos de outros países, considerados áreas de risco.

4 RASTREIO NOVAS VARIANTES DE SARS-CoV-2

4.1 Indicações de Coleta baseado nos seguintes eventos de interesse

Histórico de viagens

Pacientes com sinais e sintomas de COVID-19 com histórico de viagens oriundas das áreas de risco;

Contatos próximos ou domiciliares

Contatos domiciliares desses indivíduos que manifestarem **sintomas após exposição ao caso índice (viajante)**. Incluir **profissionais da saúde sintomáticos no atendimento direto** a esses pacientes;

Sintomas de COVID-19 após vacina

Após pelo **menos 2 (duas) semanas da segunda dose de vacina** (registrar detalhes e datas das imunizações);

Óbitos ou casos graves com internação

Sem aparente comorbidade ou fatores de risco;

Suspeitos de reinfecção

Com **comprovação anterior positiva para COVID-19** (laudo diagnóstico com teste de detectável por **rt-PCR**).

4.2 Orientações às unidades de saúde

As unidades de saúde devem realizar busca ativa diária dos seus pacientes com suspeita de COVID-19, sejam eles ambulatoriais, atendidos na emergência, ou internados que se enquadrem em um dos critérios descritos acima. Atenção deve ser dada a possíveis casos importados de pacientes com histórico recente de viagens, particularmente de áreas consideradas de risco para VOCs Alfa, Beta e Gama, além de outras variantes emergentes.

Devem ser priorizados pacientes com suspeita de COVID-19, idealmente com sintomas de fase aguda com menos de 10 dias do início do quadro. Para a obtenção de amostras, deve ser solicitada coleta de amostra respiratória com duplo *swab* em um mesmo tubo de coleta visando confirmação de diagnóstico de SARS-CoV-2 por rt-PCR e possibilidade de sequenciamento genômico completo, além de coleta sanguínea para exame de anticorpos, de acordo com as recomendações desta NT.



- Comunicar imediatamente ao CIEVS a existência de pacientes que atendam aos critérios de inclusão para busca ativa e rastreamento do serviço de vigilância, através do formulário eletrônico, disponibilizado pelo link: <https://forms.gle/RQyACVpNDCHZa6CD6> ;

- Realizar a investigação epidemiológica em caso de óbitos, atentar a casos de pacientes relativamente jovens sem aparente fatores de risco;

As amostras encaminhadas serão priorizadas para a testagem diagnóstica de SARS-CoV2, com retorno dos laudos dependente do processo de encaminhamento das amostras, da documentação necessária e das devidas requisições no sistema GAL.

- Envio da amostra respiratória: Devidamente identificada com nome e CPF + requisição do GAL + número da amostra + ficha de notificação, acompanhadas das amostras de sangue.

A obrigatoriedade de retorno de resultados às Unidades de Saúde está no laudo diagnóstico.

Critérios técnicos, resultado do teste diagnóstico, de controle de qualidade das amostras, de representatividade epidemiológica e de disponibilidade de insumos nortearão a seleção prioritária de amostras elegíveis para sequenciamento genômico total e análises filogenéticas.

Antecipa-se que somente uma proporção das amostras poderão ser sequenciadas, e as amostras sob investigação serão regularmente comunicadas ao CIEVS, bem como o retorno de resultados. Amostras com resultado de rt-PCR não-detectável (negativo) não poderão ser selecionadas para monitoramento genômico e sequenciamento.

Todos os Hemocentros regionais do Ceará já possuem logística de envio para o HEMOCE Fortaleza em dias e horários estabelecidos através da Hemorrede, conforme consta nesta nota técnica.

4.3 Coleta de amostras

COLETA DE SWAB

- RT-PCR de pacientes com suspeita de COVID-19 (sintomáticos) – de acordo com os critérios já mencionados;
- 2(dois) *swabs* no mesmo meio de transporte, sendo 1(um) para ambas as narinas (nasofaríngeo) e 1(um) orofaríngeo (colocar no mesmo tubo).

COLETA INVESTIGAÇÃO SOROLÓGICA

- Além da amostra respiratória para testagem molecular, coletar amostra sanguínea:
- Coletar 1 (uma) amostra de soro (tubo de 4ml com gel separador) (aguardar o sangue coagular antes de centrifugar) a 3500 RPM (rotação por minuto) por 10 minutos;
- Coletar 1 (uma) amostra de sangue total, tubo EDTA 4ml;
- Identificar as amostras de sangue como vigilância genômica-imunológica ;
- Cadastrar amostra no GAL (somente amostra de soro).

OBSERVAÇÕES:

- Cadastrar a amostra no GAL sob a mesma requisição (amostra respiratória e de soro);
- Identificar no campo observações vigilância genômica-imunológica ;
- Enviar junto com a ficha do GAL e ficha de notificação;
- As notificações devem seguir o fluxo normal nos sistemas oficiais (e-SUS VE para casos de Síndrome Gripal e SIVEP-Gripe para casos de SRAG) ;
- Indicar no encaminhamento que se trata de amostras de busca ativa de vigilância;
- Caso a amostra esteja armazenada em congelador, está deverá ser enviada em gelo seco.

HORÁRIO PARA ENTREGA DAS AMOSTRAS COLETADAS (HEMOCE)

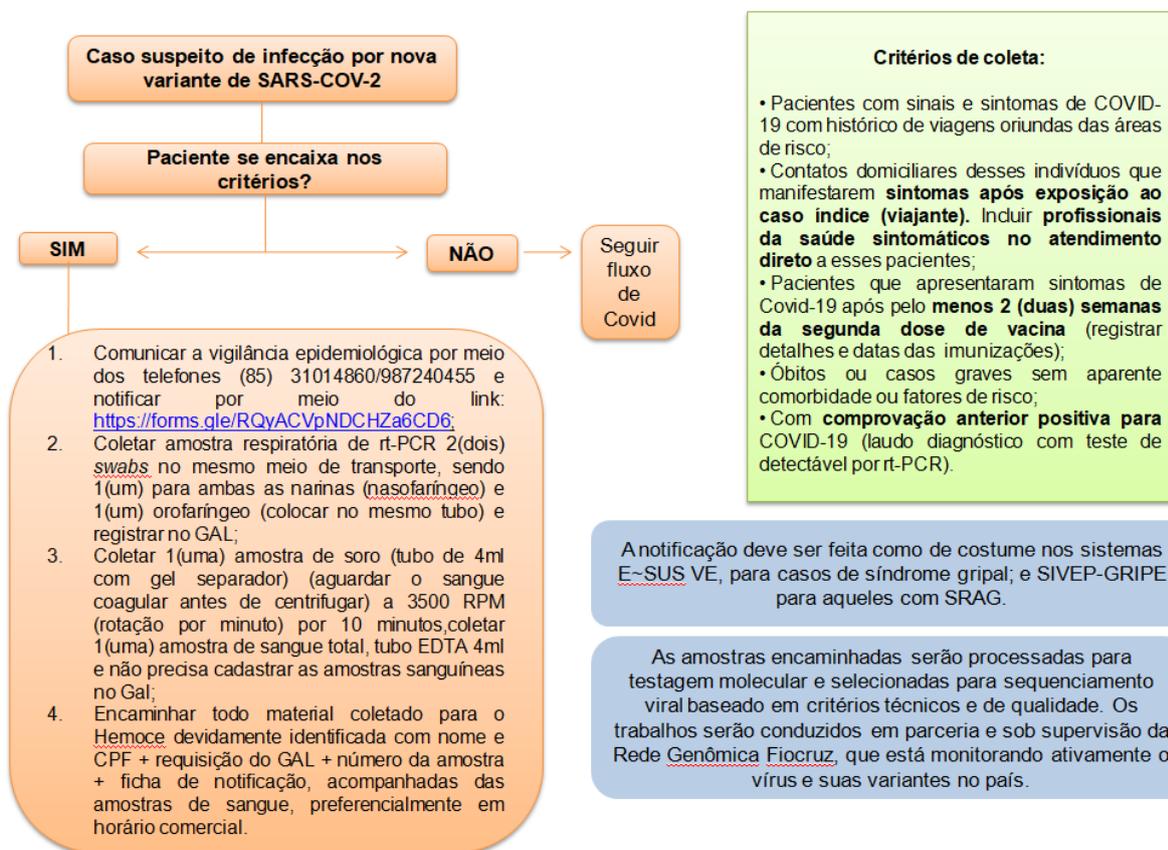
- Das 8 às 17hrs (todos os dias, incluindo dias de semana e finais de semana).

Ressalta-se que a Portaria nº 2616, de 12 de maio de 1998, define as diretrizes e competências da Comissão de Controle de Infecção Hospitalar (CCIH) em âmbito hospitalar:

- Realizar investigação epidemiológica de casos e surtos, sempre que indicado, e implantar medidas imediatas de controle;
- Cooperar com a ação do órgão de gestão do SUS, bem como fornecer, prontamente, as informações epidemiológicas solicitadas pelas autoridades competentes;
- Na ausência de um núcleo de epidemiologia local, notificar ao organismo de gestão do SUS, os casos diagnosticados ou suspeitos de outras doenças sob Vigilância Epidemiológica (notificação compulsória), atendidos em qualquer dos serviços ou unidades do hospital, e atuar cooperativamente com os serviços de saúde coletiva;
- Diante do exposto solicitamos apoio às Unidades de Saúde em fornecer informações pertinentes à vigilância que está sendo conduzida. Realizar acompanhamento dos casos que forem encaminhados por este fluxo de vigilância e rastreamento.
- Esclarecemos que diariamente será realizado contato telefônico com a CCIH ou NHE da unidade para informações. Informamos ainda, que para todo caso suspeito que se enquadre dentro de um dos 5 critérios de inclusão descritos acima (eventos de interesse para vigilância genômica-imunológica), o seguinte formulário eletrônico <https://forms.gle/RQyACVpNDCHZa6CD6>, deve ser preenchido diariamente com informações detalhadas de cada paciente.

Para maiores esclarecimentos, entrar em contato com o
Centro de Informações Estratégicas em Vigilância em
Saúde (85) 3101.4860
Plantão epidemiológico CIEVS (85) 98724.0455

5 FLUXO PARA IDENTIFICAÇÃO DE CASOS INUSITADOS SUSPEITOS DE COVID-19 DENTRO DOS CRITÉRIOS DEFINIDOS (EVENTOS DE INTERESSE)



RETORNO DE RESULTADOS: As amostras recebidas serão priorizadas para o diagnóstico por rt-qPCR e os laudos serão liberados via GAL. Os resultados sorológicos serão disponibilizados posteriormente pelo sistema Softlab. Importante ressaltar que nem todas as amostras poderão ser sequenciadas, devido a critérios técnicos, como carga viral e de qualidade das amostras e do material genético.

Secretaria Executiva de Vigilância e Regulação Em Saúde - SEVIR

Av. Almirante Barroso, 600
Praia de Iracema. CEP 60.060-440

www.saude.ce.gov.br



CEARÁ
GOVERNO DO ESTADO

SECRETARIA DA SAÚDE