

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
FACULDADE DE MEDICINA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM DOENÇAS INFECCIOSAS E
PARASITÁRIAS – PPGDIP**

LILIANE FERREIRA DA SILVA

**MONITORAMENTO EPIDEMIOLÓGICO E GENÔMICO DA COVID-19 EM
INDIVÍDUOS ENCARCERADOS NO SISTEMA PRISIONAL DO ESTADO DE
MATO GROSSO DO SUL, BRASIL.**

**CAMPO GRANDE/MS
2024**

LILIANE FERREIRA DA SILVA

**MONITORAMENTO EPIDEMIOLÓGICO E GENÔMICO DA COVID-19 EM
INDIVÍDUOS ENCARCERADOS NO SISTEMA PRISIONAL DO ESTADO DE
MATO GROSSO DO SUL, BRASIL.**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Doenças Infecciosas e Parasitárias (PPGDIP), da Fundação Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Curso de Mestrado, da Faculdade de Medicina, como requisito para a obtenção do título de Mestre, sob orientação da Profa. Dra. Crhistinne Cavaleiro Maymone Gonçalves e Coorientação da Profa. Dra. Marta Giovanetti.

**CAMPO GRANDE/MS
2024**

**MONITORAMENTO EPIDEMIOLÓGICO E GENÔMICO DA COVID-19 EM
INDIVÍDUOS ENCARCERADOS NO SISTEMA PRISIONAL DO ESTADO DE
MATO GROSSO DO SUL, BRASIL.**

Dissertação apresentada à Banca Final Examinadora do Programa de Pós-Graduação em Doenças Infecciosas e Parasitárias (PPGDIP), da Fundação Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), como requisito à obtenção do título de Mestre em Doenças Infecciosas e Parasitárias.

Campo Grande—MS, 27 de março de 2024.

COMISSÃO EXAMINADORA:

Profa. Dra. Crhistine Cavalheiro Maymone Gonçalves (UFMS/MS)
Orientadora

Profa. Dra. Marta Giovanetti (Instituto Rene Rachou, FIOCRUZ- Minas Gerais,
Brasil)
Coorientadora

Profa. Dra. Ana Lúcia Lyrio de Oliveira
Membro Interno PPGDIP - UFMS/MS

Prof. Dr. Everton Ferreira Lemos
Membro Externo, Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS)

Prof. Dr. Everton Falcão de Oliveira
Suplente Interno PPGDIP - UFMS/MS

Profa. Dra. Mariana Trinidad Ribeiro da Costa Garcia Croda
Suplente Externo - UFMS

AGRADECIMENTOS

Agradeço a DEUS por todas as oportunidades concedidas a mim, pela força e tranquilidade nos momentos de fraqueza e dificuldades.

Ao meu Pai, minha Mãe e a minha irmã, pelo amor, carinho, força e incentivo que sempre me deram.

À minha orientadora, Dra. Crhistinne Cavalheiro Maymone Gonçalves pela manifestação de incondicional apoio e disponibilidade, pela confiança, compreensão, pelo estímulo permanente, que contribuíram para meu crescimento pessoal e profissional; pela sua amizade.

À minha coorientadora, Dra. Marta Giovanetti que acompanhou meu percurso no estudo e possibilitou a realização deste projeto.

A todos os amigos do estudo de campo, do trabalho e parceiros de turma pelo apoio, conselhos, motivação e sugestões durante o percurso do Mestrado.

RESUMO

Com o advento da pandemia COVID-19 o contexto das Unidades Prisionais (UP) passou a ser motivo de investigação por abrigar um grupo particularmente suscetível à COVID-19, os indivíduos encarcerados. O Brasil possui a terceira maior população carcerária do mundo, com celas superlotadas, mal ventiladas e transferências frequentes, o que agrava o risco de transmissão de agentes infecciosos, sendo o estado de Mato Grosso do Sul o que possui a terceira maior taxa de encarceramento. O objetivo do estudo foi analisar as características epidemiológicas e genômicas e a dinâmica de disseminação do SARS-CoV-2 para compreensão dos mecanismos de transmissão e evolução do vírus entre os indivíduos encarcerados. Trata-se de estudo epidemiológico, descritivo transversal, realizado em duas prisões masculina de regime fechado em Campo Grande – MS: Penitenciárias Masculina Fechada Gameleira I e II (PEMRFG I; PEMRFG II). O estudo envolveu 1.927 pessoas privadas de liberdade – PPL (83,93% da população carcerária total) nas duas instalações, entre maio e outubro de 2022, utilizando *swabs* nasofaríngeos, testes RT-qPCR para detecção de SARS-CoV-2, e o sequenciamento genômico. Como medidas de contenção, incluímos o isolamento e a estratégia de rastreamento de contato para monitorar a exposição dentro das celas. Das 2.108 amostras, foram identificados 66 diagnósticos moleculares positivos (3,13%), predominantemente entre indivíduos assintomáticos (77,27%). Quanto à distribuição etária, a mediana de idade foi de 29 anos, variando entre 18 anos a 47 anos, a situação vacinal variou de não vacinado à terceira dose. Foi realizada análise genômica usando sequenciamento de nova geração, *Oxford Nanopore*, em que se identificou a variante Ômicron (linhagem BA.2 e BA.5) com cobertura média de 99%. A árvore filogenética também foi realizada pelo Genome Detective em que se identificou clados monofiléticos, que fornece evidências robustas de transmissão linear e rastreável do vírus, enfatizando a presença de cadeias de transmissão específicas dentro do ambiente prisional estudado. O estudo destaca a necessidade de estratégias de controle abrangentes nas UP, incluindo rastreamento, protocolos de isolamento e vacinação.

Palavras-chave: COVID-19, SARS-CoV-2, prisão, monitoramento epidemiológico, monitoramento genômico.

ABSTRACT

With the advent of the COVID-19 pandemic, the context of Prison Units (UP) became the subject of investigation as they house a group particularly susceptible to COVID-19, incarcerated individuals. Brazil has the third largest prison population in the world, with overcrowded, poorly ventilated cells and frequent transfers, which aggravates the risk of transmission of infectious agents, with the state of Mato Grosso do Sul having the third highest incarceration rate. The objective of the study was to analyze the epidemiological and genomic characteristics and dissemination dynamics of SARS-CoV-2 to understand the mechanisms of transmission and evolution of the virus among incarcerated individuals. This is an epidemiological, cross-sectional study, carried out in two closed male prisons in Campo Grande – MS, namely: Gameleira I and II Closed Male Penitentiaries (PEMRFG I; PEMRFG II). The study involved 1,927 people deprived of their liberty – PPL (83.93% of the total prison population) in the two facilities, between May and October 2022, using nasopharyngeal swabs, RT-qPCR tests to detect SARS-CoV-2, and the genomic sequencing. As containment measures, we include isolation and a contact tracing strategy to monitor exposure within cells. Of the 2,108 samples, 66 positive molecular diagnoses were identified (3.13%), predominantly among asymptomatic individuals (77.27%). Regarding age distribution, the median age was 29 years old, ranging from 18 years old to 47 years old, vaccination status varied from not vaccinated to the third dose. Genomic analysis was performed using next generation sequencing, Oxford Nanopore, which identified the Ômicron variant (BA.2 and BA.5 lineage) with an average coverage of 99%. The phylogenetic tree was also carried out by Genome Detective in which monophyletic clades were identified, which provides robust evidence of linear and traceable transmission of the virus, emphasizing the presence of specific transmission chains within the prison environment studied. The study highlights the need for comprehensive control strategies in UP, including tracking, isolation protocols and vaccination.

Keywords: COVID-19, SARS-CoV-2, prison, epidemiological monitoring, genomic monitoring.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Estrutura do genoma do SARS-CoV-2	14
Figura 2. Evolução do número de casos, óbitos e doses de vacina em valores padronizados pela média e desvio padrão de toda a série	21
Figura 3. Indicadores Epidemiológicos da COVID-19 no estado de Mato Grosso do Sul de 2020 a 2023	25
Figura 4. Evolução do número de casos confirmados de COVID-19 no estado de Mato Grosso do Sul, dezembro de 2021 a dezembro de 2022	26
Figura 5. Triagem, diagnóstico moleculares positivos e análise filogenética para SARS-CoV-2 na PPL do estado de Mato Grosso do Sul, 2022	35
Figura 6. Distribuição de casos confirmados de SARS-CoV-2, por celas e pavilhões no estado de Mato Grosso do Sul e nas UP do estudo, maio a outubro de 2022	38
Figura 7. Dinâmica das linhagens BA.2 e BA.5 na capital, no estado de Mato Grosso do Sul e nas UP do estudo, maio a outubro de 2022	39
Figura 8. Reconstrução genômica e epidemiológica SARS-CoV-2 circulantes em UP do estado de Mato Grosso do Sul	40

LISTA DE QUADRO

Quadro 1. Descrição das atividades da dinâmica dos encarcerados no ambiente prisional	29
--	----

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Características clínicas e demográficas da PPL com SARS-CoV-2 no estado de Mato Grosso do Sul, 2022.....	36
Tabela suplementar. Informações epidemiológicas do sequenciamento dos genomas de SARS-CoV-2 na PPL do estado do Mato Grosso do Sul	69

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AGEPEN	Agência Estadual de Administração do Sistema Penitenciário de Mato Grosso do Sul
CEP	Comitê de Ética em Pesquisa
CoV-s	coronavírus
CT	do inglês <i>cycle threshold</i>
DEPEN	Departamento Penitenciário Nacional
ELISA	do inglês <i>Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay</i> – “Enzimaimunoensaio”
ESPII	Emergência em Saúde Pública de Importância Internacional
ESPIN	Emergência em Saúde Pública de Importância Nacional
HAS	Hipertensão Arterial Sistêmica
IC	intervalo de confiança
LACEN	Laboratório Central de Saúde Pública
mAbs	testes de reatividade com anticorpos monoclonais
MERS	Síndrome Respiratória do Oriente Médio
OMS	Organização Mundial da Saúde
PCR	do inglês <i>polymerase chain reaction</i> – “reação em cadeia da polimerase”
PNI	Programa Nacional de Imunização
PPL	Pessoa Privada de Liberdade
PEMRFG I	Penitenciária Masculina de Regime Fechado Gameleira I
PEMRFG II	Penitenciária Masculina de Regime Fechado Gameleira II
RNA	ácido ribonucléico
RT-qPCR	do inglês <i>reverse transcription polymerase chain reaction</i> – “Transcriptase Reversa – Reação em Cadeia da Polimerase”
SARS	Síndrome Respiratória Aguda Grave
SG	Síndrome gripal
SES/MS	Secretaria de Estado de Saúde de Mato Grosso do Sul
SINAN	Sistema de Informação de Agravos de Notificação
SI-PNI	Sistema de Informação do Programa Nacional de Imunizações
SISDEPEN	Sistema de Informações do Departamento Penitenciário Nacional
SUS	Sistema Único de Saúde

TB	Tuberculose
TCLE	Termo de Consentimento Livre e Esclarecido
VOC	do inglês variant of concern - “variante de preocupação internacional”
VOI	do inglês variant of interest - “variante de interesse internacional”
VOC-LUM	do inglês variant of concern under monitoring - “variante de preocupação sob monitoramento internacional”
VUM	do inglês variant under monitoring - “variante sob monitoramento internacional”
UFMG	Universidade Federal de Minas Gerais
UFMS	Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
UP	Unidade Prisional

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	12
2 REFERENCIAL TEÓRICO	14
2.1 Origem do SARS-CoV-2	14
2.2 COVID-19 e a Pandemia	15
2.3 Vigilância genômica e as variantes do SARS-CoV-2	16
2.4 Manifestações clínicas da COVID-19.....	18
2.5 Vacinação contra a COVID-19 no Brasil	20
2.6 COVID-19 no contexto das Unidades prisionais	21
2.7 COVID-19 no Estado de Mato Grosso do Sul e a Pessoa Privada de Liberdade	23
3 OBJETIVOS	27
3.1 Objetivo Geral	27
3.2 Objetivos específicos	27
4 MATERIAL E MÉTODOS	28
4.1 Desenho do estudo (tipo, local, período e população)	28
4.2 Coleta e análise de dados clínicos e sociodemográficos	30
4.3 Coleta de amostras e triagem molecular	30
4.4 Sequenciamento completo do genoma e análise filogenética	31
4.5 Considerações éticas	32
5 RESULTADOS	34
6 DISCUSSÃO.....	42
7 CONCLUSÃO.....	47
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	49
APÊNDICE A – TERMO DE CONSENTIMENTO LIVRE E ESCLARECIDO (TCLE)	58
APÊNDICE B – FORMULÁRIO DA PESQUISA.....	61
ANEXO A – FICHA DE NOTIFICAÇÃO DE SÍNDROME GRIPAL – SG SUSPEITO DE DOENÇA PELO NOVO CORONAVÍRUS 2019 – COVID-19 (B34.2) DO SINAN	63
ANEXO B – PARECER CONSUBSTANCIADO DO CEP DA UFMG	65
ANEXO C – CARTA DE ANUÊNCIA DA SES/MS	67
ANEXO D – TERMO DE ANUÊNCIA DA AGEPE/MS.....	68
ANEXO E – TABELA SUPLEMENTAR.....	69

1 INTRODUÇÃO

A declaração da pandemia da doença COVID-19 pela Organização Mundial da Saúde (OMS), em 11 de março de 2020, marcou a emergência global da Síndrome Respiratória Aguda Grave causada pelo até então novo à época Coronavírus 2 (SARS-CoV-2).

O vírus, respiratório, altamente transmissível (SARS-CoV-2), espalha-se, principalmente de pessoa para pessoa, através de pequenas gotículas do nariz ou da boca, que são expelidas quando uma pessoa com COVID-19 tosse, espirra ou fala. As pessoas podem pegar a doença ao respirarem as gotículas de uma pessoa com o vírus; portanto, os contatos próximos aos infectados correm maior risco (WHO, 2019).

Em relação ao período de incubação da infecção, o tempo médio é de 4-5 dias para o início de sintomas, no entanto, há estudos demonstrando que pode durar até 14 dias (Li *et al.*, 2020).

A infecção por SARS-CoV-2 pode ser definida como sintomática e assintomática. Sintomática, quando pacientes apresentam pelo menos um destes sintomas: febre, saturação de oxigênio <95%, calafrios, tosse, dor de cabeça, fadiga, mialgia, dor de garganta, aperto no peito, falta de ar, perda do paladar e/ou do olfato, náuseas, vômitos, diarreia, dor no peito, confusão/estado mental alterado. E, caso nenhum sintoma seja registrado, o paciente é definido como assintomático (Rane *et al.*, 2023).

Como doença infecciosa altamente transmissível com manifestação ou não de sintomas, uma medida implementada para contenção de surtos é a de rastreamento de contatos, que objetiva interromper a transmissão sustentada para reduzir a disseminação da infecção (OPAS, 2021; WHO, 2020).

Outra medida, a do sequenciamento genômico implantado na rede laboratorial, é fundamental para identificar e estudar a disseminação, auxiliando na compreensão da dinâmica dos surtos ao longo do tempo e nas rotas de transmissão (WHO, 2021).

Todas estas medidas podem contribuir para a redução da transmissibilidade, da disseminação na comunidade, da morbidade, da

mortalidade e dos custos associados ao tratamento das doenças no sistema de saúde. Podem também melhorar e direcionar de forma mais personalizada o atendimento da rede de atenção à saúde e fomentar medidas educativas para minimizar o surgimento de novos casos.

No entanto, há contextos que merecem atenção peculiar devido ao fato de serem considerados de altíssimo risco para transmissão de doenças infectocontagiosas. Entre estes, os das Unidades Prisionais (UP), que alojam os encarcerados em ambientes insalubres, superlotados, com baixa ventilação e com dificuldade em garantir condições mínimas de higiene. Sabe-se que as Pessoas Privadas de Liberdade (PPL) possuem risco aumentado de adoecimento por doenças infecciosas, especialmente as respiratórias, por estarem em ambientes confinados e com baixa circulação de ar.

A COVID-19 tem amplo espectro de manifestações clínicas, potencialidade de evolução para casos severos e com agravos. E, quando ocorre em espaços de altíssimo risco como as UP, o monitoramento da população deve ser intensificado, assim como a caracterização molecular, para gerar genomas completos que auxiliem na compreensão da dispersão do vírus nestes contextos.

Assim, este estudo objetivou analisar as características epidemiológicas, genômicas e a dinâmica de disseminação do SARS-CoV-2 nas UP do Estado de Mato Grosso do Sul, para compreender os mecanismos de transmissão e evolução do patógeno entre os indivíduos encarcerados, na fase pós-emergência de saúde pública no Brasil, com a finalidade de contribuir com possíveis medidas de controle para mitigar a propagação dentro e fora dos muros do ambiente prisional.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

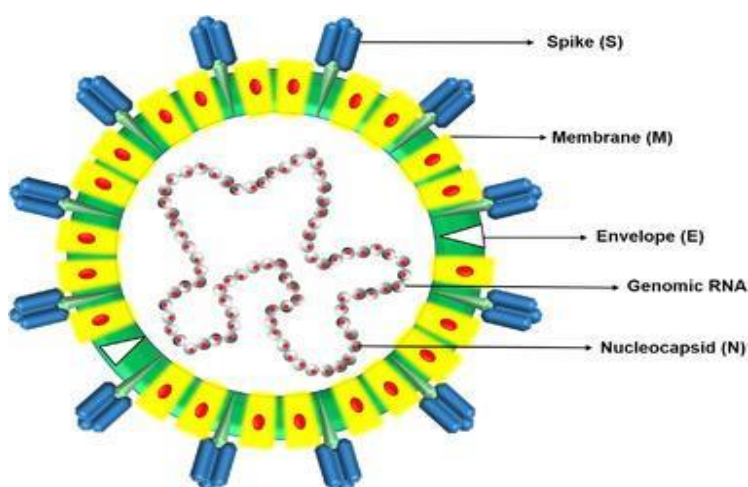
2.1 Origem do SARS-CoV-2

Os coronavírus são uma grande família de vírus, vários dos quais causam doenças respiratórias em humanos, desde o resfriado comum até doenças mais raras e graves, como a Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS) e a Síndrome Respiratória do Oriente Médio (MERS); apresentam altas taxas de mortalidade e foram detectados pela primeira vez em 2003 e 2012, respectivamente (WHO, 2020).

Os coronavírus são vírus de RNA (ácido ribonucleico) envelopados que são amplamente distribuídos entre humanos, outros mamíferos e aves e que causam doenças respiratórias, entéricas, hepáticas e neurológicas (Abboud *et al.*, 2020).

O genoma do coronavírus codifica quatro ou cinco proteínas, incluindo a proteína spike (S) (**Figura 1**) que se projeta através do envelope viral e forma a aparência característica de "coroa" do vírus, derivando seu nome da palavra latina corona, que significa *coroa*. Com base em sua estrutura genômica, esses vírus são classificados em quatro gêneros diferentes: *Alfacoronavírus* (α CoV), *Betacoronavírus* (β CoV), *Gamacoronavírus* (γ CoV), *Deltacoronavírus* (δ CoV) (Yuki; Fujiogi; Koutsogiannaki, 2020).

Figura 1. Estrutura do genoma do SARS-CoV-2.



Fonte: Hao *et al.*, 2022.

Um novo betacoronavírus foi descoberto através do uso do sequenciamento imparcial em amostras de paciente com pneumonia, da China, em 2019. Células epiteliais das vias aéreas humanas foram usadas para isolar o novo coronavírus, denominado 2019-nCoV, que formou um clado dentro do subgênero sarbecovírus, família Ostrhocornavirinae. Diferente do MERS-CoV e do SARS-CoV, o 2019-nCoV é o sétimo membro da família dos coronavírus que infecta humanos (Zhu *et al.*, 2020).

No entanto, estudos ressaltam que o SARS-CoV-2 é mais infeccioso do que o SARS-CoV e o MERS-CoV e, que os indivíduos podem transmitir o vírus quando assintomáticos ou pré-sintomáticos (Zhang; Holmes, 2020).

2.2 COVID-19 e a Pandemia

Os primeiros casos de pneumonia, devido ao SARS-CoV-2, tiveram sua origem na cidade de Wuhan, China, em dezembro de 2019, ligado a um mercado de marisco e, rapidamente, disseminaram para outros países. Em 30 de janeiro de 2020, a OMS declarou a Emergência de Saúde Pública de Importância Internacional (ESPII) (WHO, 2020).

No início de março de 2020, a OMS declarou uma pandemia causada pela COVID-19, trazendo repercussões e especificidades, tanto no âmbito biológico quanto no social (Huang *et al.*, 2020; Kissler *et al.*, 2020; Brooks *et al.*, 2020).

No Brasil, em 03 de fevereiro de 2020, foi declarada a Emergência de Saúde Pública de Importância Nacional (ESPIN) devido ao COVID-19 e, no mesmo mês, identificada a entrada do vírus SARS-CoV-2 nas capitais (Freitas *et al.*, 2022). O primeiro caso no país foi confirmado em 26 de fevereiro de 2020, de idoso, residente em São Paulo/SP, retornado de viagem à Itália. Em 17 de março de 2020, ocorreu o primeiro óbito por COVID-19 no país, de idoso, residente em São Paulo/SP, com comorbidades, sem histórico de viagem ao exterior. Em 20 de março de 2020, foi reconhecida a transmissão comunitária da COVID-19 em todo o território nacional (Oliveira *et al.*, 2020).

Após o espalhamento da COVID-19 por transmissão comunitária, identificou-se a insuficiência para testagem de toda a população e, o Ministério

da Saúde ampliou o número de testes para diagnóstico do SARS-CoV-2, mas determinou a priorização da testagem de profissionais da saúde e da segurança pública, além de casos graves e óbitos, até que fosse possível ampliar a capacidade de testagem (Oliveira *et al.*, 2020).

Entre as medidas de contenção da doença, o rastreamento de contatos, definido como um processo de identificação, avaliação e gestão de pessoas que foram expostas a uma doença para prevenir a transmissão posterior, na prática faz o mapeamento da rede de transmissão potencial e informa os indivíduos sobre os riscos e outras ações recomendadas (WHO, 2020a).

A velocidade de propagação da pandemia tornou necessária a adoção de medidas de controle sanitário, restrição da circulação de pessoas nos diversos ambientes e adoção de medidas de distanciamento social para conter a disseminação do vírus, a fim de reduzir os impactos no sistema de saúde e na mortalidade da população. No entanto, ao longo da pandemia, percebeu-se a mudança da dinâmica de transmissão do SARS-CoV-2, devido à vacinação generalizada, à infecção natural e ao surgimento de novas variantes (WHO, 2022).

Estas mudanças explicitaram a necessidade de implantação de medidas que propiciassem a geração, em tempo real, de dados genômicos do SARS-CoV-2 para acompanhar a dinâmica de dispersão viral e, consequentemente auxiliar no desenvolvimento de diagnósticos, medicamentos e vacinas (WHO, 2021).

2.3 Vigilância genômica e as variantes do SARS-CoV-2

O principal método para diagnosticar doenças virais, incluindo o SARS-CoV-2, é a reação em cadeia da polimerase com transcrição reversa (RT-qPCR), sendo a técnica mais confiável, denominado padrão ouro (Bullard *et al.*, 2020). O RT-qPCR tem sido usado rotineiramente como teste de diagnóstico para detectar ácidos nucleicos do SARS-CoV-2 em esfregaços de amostras respiratórias da nasofaringe e orofaringe (Aranha *et al.*, 2021).

A partir das amostras selecionadas dos casos positivos para SARS-CoV-2, por teste RT-qPCR em tempo real, é possível realizar o sequenciamento

genômico que fornece informações valiosas sobre a origem do vírus e a sua transmissão dos animais para os seres humanos. Ao comparar as sequências genéticas do SARS-CoV-2 com outros coronavírus animais é possível obter uma melhor compreensão da evolução do vírus e das potenciais fontes de transmissão, o que contribui para o direcionamento de esforços que previnam futuros surtos de doenças zoonóticas (Giovanetti *et al.*, 2023).

A compreensão da dinâmica evolutiva do vírus tornou-se crucial para monitorizar o seu potencial de adaptação e novos surtos, entendendo que a gravidade da doença varia de acordo com os diferentes indivíduos infectados e cepas mutantes (Yu *et al.*, 2022).

A vigilância genômica emergiu como uma ferramenta crucial no monitoramento e compreensão da dinâmica de variantes emergentes e na informação das respostas de saúde pública durante a pandemia de COVID-19 (Maziero *et al.*, 2023). É um indicador importante para avaliar a capacidade em detectar novas variantes/linhagens em tempo oportuno (FIOCRUZ, 2022).

Desde o início da pandemia até os dias atuais, o SARS-CoV-2 apresentou mutações específicas e combinações que alteraram o seu comportamento, pelas múltiplas variantes de preocupação (VOC) e variantes de interesse (VOI). A OMS reconheceu variantes de monitoramento prioritário, classificadas em quatro categorias: VOC, VOI, Variantes Sob Monitoramento (VUM) e Linhagens de Variantes de Preocupação Sob Monitoramento (VOC-LUM) (WHO, 2023).

Foram identificadas cinco VOC: Alpha, primeira, identificada no Reino Unido, final de dezembro de 2020 (linhagem B.1.1.7); Beta, na África do Sul, final de dezembro de 2020 (linhagem B.1.351); Gama, Brasil, início de janeiro de 2021 (linhagem P.1); Delta, Índia, dezembro de 2020 (B.1.617.2) e Ômicron, variante B.1.1.529, notificada pela primeira vez na África do Sul em 24 de novembro de 2021 (WHO, 2021).

Muitas mutações foram encontradas em VOCs (Alpha, Beta, Gama e Delta) e VOIs (Kappa, Zeta, Lambda e Mu) e estão ligadas ao aumento da infecciosidade e ao aumento do risco de reinfecção. A variante Ômicron é a variante com maior mutação entre as VOC, com 50 mutações em todo o genoma e 26-32 mutações na proteína spike. A variante Ômicron é a VOC mais transmissível em muitos países em todo o mundo (Tian *et al.*, 2022).

As mutações conferem à variante Ômicron a capacidade de escapar ao plasma convalescente e aos soros e testes de reatividade com anticorpos monoclonais (mAbs) da vacina. A variante Ômicron escapou facilmente da imunidade em comparação com outros VOC (Alfa, Beta, Gama e Delta) (Tian *et al.*, 2022).

Desde o seu surgimento, em 2021, a Ômicron continuou a evoluir genética e antigenicamente com um leque crescente de sub-linhagens, que até agora foram todas caracterizadas por propriedades de evasão da imunidade populacional existente e preferência por infectar o trato respiratório superior (em vez do trato respiratório inferior), em comparação com as VOCs pré-Ômicron (WHO, 2022).

A variante Ômicron e suas sublinhagens representam mais de 98% das sequências publicamente disponíveis desde fevereiro de 2022 e constituem a base genética a partir da qual provavelmente surgirão novas variantes do SARS-CoV-2 (WHO, 2022). É atualmente a variante dominante que circula globalmente, sendo responsável por quase todas as sequências, com diversas linhagens (BA.1, BA.2, BA.4, BA.5) (WHO, 2023).

No Brasil, a partir de janeiro de 2022, a VOC Ômicron dominou completamente o cenário epidemiológico da COVID-19, sendo responsável por 95% de todos os genomas sequenciados. Nos meses de janeiro e fevereiro de 2022, registrou-se a maior quantidade de genomas gerados no Brasil, devido ao grande número de casos causados pela variante Ômicron BA.1 (FIOCRUZ, 2022).

A natureza altamente transmissível da variante Ômicron contribuiu para o crescimento exponencial dos casos, mas o número de indivíduos suscetíveis diminuiu devido à vacinação ou infecção prévia (Andrews *et al.*, 2022).

2.4 Manifestações clínicas da COVID-19

O curso clínico da COVID-19 varia desde infecção assintomática até desconforto respiratório agudo grave com envolvimento de múltiplos órgãos e morte, formas mais graves da infecção (Abboud *et al.*, 2020).

Pacientes infectados com SARS-CoV-2 considerados sintomáticos podem apresentar: febre, saturação de oxigênio <95%, calafrios, tosse, dor de cabeça, fadiga, mialgia, dor de garganta, aperto no peito, falta de ar, perda do paladar e do olfato, náuseas, vômitos, diarreia, dor no peito, confusão/estado mental alterado (Rane *et al.*, 2023).

E, são considerados assintomáticos, os confirmados por resultados positivos de testes de ácido nucléico durante a doença, sem relato de quaisquer sintomas, mas devem ser considerados uma fonte de infecção por COVID-19 pois podem transmitir de pessoa para pessoa (Hu *et al.*, 2020). Estudos virológicos indicam que pessoas assintomáticas liberam quantidades semelhantes de vírus às pessoas sintomáticas (Arons *et al.*, 2020; Le *et al.*, 2020).

Pessoas assintomáticas parecem ser responsáveis por aproximadamente 40% a 45% das infecções por SARS-CoV-2 e podem transmitir o vírus a outras pessoas por um período prolongado, talvez superior a 14 dias (Zhu *et al.*, 2020).

Com a ocorrência de infecções assintomáticas, o cenário da COVID-19 é desfavorável em locais onde não há estratégias de detecção oportuna. Para rastrear fontes de infecção e proteger as pessoas vulneráveis é necessário obter dados relacionados com a circulação do vírus nas comunidades (Li *et al.*, 2020). Portanto, é altamente recomendado e necessário fazer o rastreio de infecções assintomáticas.

A identificação de portadores assintomáticos visa eliminar as fontes potenciais de transmissão e também melhorar o prognóstico dos mesmos, já que podem evoluir para pacientes sintomáticos, apesar de apresentarem danos pulmonares menores, melhoras mais precoces e um prognóstico menos grave (Ma *et al.*, 2022).

Em relação à triagem de contato próximo, recomenda-se que não se limite apenas em pacientes que desenvolveram a doença, mas também se estenda aos casos assintomáticos durante o período de incubação para reduzir o risco de propagação do SARS-CoV-2 (Hu *et al.*, 2020; Yu; Yang, 2020).

Quanto às medidas de contenção, as infecções assintomáticas devem ser tratadas de forma semelhante à das infecções sintomáticas, incluindo

isolamento e rastreio de contatos para conter os surtos em fases posteriores (Han *et al.*, 2020; Hu *et al.*, 2020; Ma *et al.*, 2021).

O Brasil, no início da pandemia, intensificou os esforços frente à estratégia de diagnóstico, realizando testes moleculares, RT-qPCR, testes rápidos sorológicos e de antígenos (TR-Ag), aos indivíduos sintomáticos suspeitos de COVID-19, com Síndrome Gripal (SG) ou Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG), não havendo recomendação para coleta de amostras em assintomáticos. Sendo todas medidas de contenção atribuídas às pessoas sintomáticas.

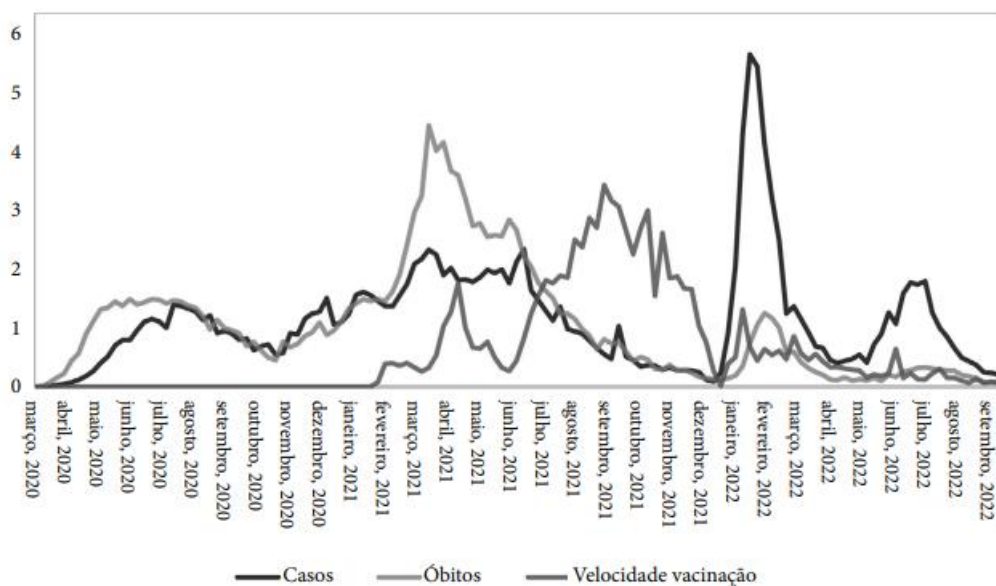
2.5 Vacinação contra a COVID-19 no Brasil

No Brasil, a campanha de vacinação contra a COVID-19 iniciou em 17 de janeiro de 2021 e no estado de Mato Grosso do Sul, em 18 de janeiro de 2021. Inicialmente, devido ao número de doses, foram elencados grupos prioritários pelos quais se começou a vacinação. Mas, a partir de março de 2021, a quantidade de doses acelerou o processo de vacinação (Freitas *et al.*, 2022).

No decorrer da vacinação os imunizantes disponibilizados foram Sinovac/Butantan (Coronavac) – vírus inativado, AstraZeneca/Fiocruz (AstraZeneca) – recombinante, Pfizer – RNA mensageiro e Janssen – RNA mensageiro (BRASIL, 2022).

Entre agosto e dezembro de 2021, o cenário no país configurava-se com a predominância da variante Delta, mas com redução da transmissão e queda da positividade, efeito atribuível à vacinação, que já alcançava 20% da população, com duas doses. Em setembro de 2021, 40% da população elegível vacinada, e em novembro de 2021, 60% da população vacinada, com redução da média de óbitos, mostrando a efetividade das vacinas contra a COVID-19. Nas primeiras ondas da pandemia a letalidade se situava entre 2% e 3% e, durante a predominância da variante Ômicron (primeiros casos em dezembro de 2021), maior parte da população adulta vacinada, a letalidade apresentou-se próxima a 0,3% (**FIGURA 2**) (Freitas *et al.*, 2022).

Figura 2. Evolução do número de casos, óbitos e doses de vacina em valores padronizados pela média e desvio padrão de toda a série.



Fonte: Observatório COVID-19 Fiocruz. Freitas *et al.*, 2022.

A vacinação foi ampliada tanto na perspectiva de efetividade como também de abrangência populacional e, as taxas de letalidade no período pandêmico demonstram a eficácia das vacinas. No entanto, neste percurso, houve modificações de número de dosagens, atribuindo a alguns imunizantes a necessidade de doses de reforço.

2.6 COVID-19 no contexto das Unidades prisionais

Existem mais de dois milhões de PPL nos Estados Unidos da América, 1,69 milhões na China e 811 mil no Brasil. Excluindo os números relativos aos Estados Unidos, pode-se afirmar que a população carcerária nas Américas, desde os anos 2000, aumentou 138%, 77% para a América Central e 200% para a América do Sul. O Brasil, apresentava-se em terceiro lugar no ranking internacional, perdendo apenas para Estados Unidos e China, com 835.643 mil de PPL. A taxa de população carcerária é de 389 por 100.000 habitantes e o nível de ocupação 143,8% (World Prison Brief, 2021).

De acordo com os dados coletados pelo Departamento Penitenciário Nacional – DEPEN até dezembro de 2020, o Brasil possuía 811.707 pessoas reclusas em prisões. Entre estas, 770.127 homens e 41.580 mulheres, distribuídos em 1.527 estabelecimentos penais. E, de acordo com os dados do Sistema de Informações do Departamento Penitenciário Nacional – SISDEPEN, a PPL no país é composta de homens jovens com menos de 34 anos, solteiros, condenados por crimes de furto e roubo. No que se refere à escolaridade e ao histórico funcional, muitos sequer foram completamente alfabetizados ou possuem registro profissional (BRASIL, 2021).

As estruturas físicas das UP, a superpopulação, a falta de ventilação dos espaços, a pouca entrada de luz solar, o acesso limitado à água potável, o compartilhamento de banheiros e espaços de convivência, bem como de itens de higiene pessoal, são algumas das condições que oportunizam a propagação de doenças infecciosas, como é o caso da COVID-19.

Sabe-se dos desafios significativos no controle da propagação da COVID-19, particularmente em ambientes densamente povoados como as UP, contextos propensos a surtos de doenças infecciosas, devido à natureza altamente dinâmica e à superlotação (Vusirikala *et al.*, 2022).

A dinâmica, ou seja, a mobilidade da PPL dentro do sistema aumenta o risco, uma vez que a pessoa presa circula entre diferentes instituições do sistema judiciário, centros de saúde e comunidade em geral, durante o cumprimento da sentença.

Ademais, a PPL tem interações sociais complexas: um indivíduo pode entrar em múltiplas prisões, permanecer encarcerado por um longo período de tempo, receber visitas pessoais de familiares, encontrar advogados e representantes legais e ter interações frequentes com outros presos e funcionários do sistema prisional (Anselmo *et al.*, 2023).

Considerando esta dinamicidade e complexidade, tem-se ainda as atividades rotineiras nas UP, como: recebimento de pertences, escoltas médicas para hospitais, audiências, situações em que a PPL mantém contato direto com a comunidade extramuros. Para limitar o contágio é necessário reduzir a possibilidade de propagação do vírus dentro das UP para a comunidade extramuros – e vice-versa.

Em relação à contaminação, na população geral, estima-se que cada infectado contamine de dois a três pessoas. Dadas as condições das prisões brasileiras, estima-se que um caso contamine até 10 pessoas. Assim, em uma cela com 150 PPL, 67% deles estarão infectados ao final de 14 dias, e a totalidade, em 21 dias (Sánchez *et al.*, 2020). A maioria dos infectados (80%) permanecerá assintomática ou desenvolverá formas leves, 20% progredirão para formas mais graves (WHO, 2020).

É importante dar prioridade aos casos associados à PPL para sequenciamento genômico, de modo a permitir a identificação precoce, melhorar a compreensão da dinâmica de transmissão e a mudança da epidemiologia, informando assim as medidas de controle de doenças para evitar uma maior propagação da COVID-19 nas UP e na comunidade em geral (Vusirikala *et al.*, 2022).

2.7 COVID-19 no Estado de Mato Grosso do Sul e a Pessoa Privada de Liberdade

O estado de Mato Grosso do Sul abrange uma população de 2.756.700 (dois milhões e setecentos e cinquenta e seis mil e setecentos) habitantes, residentes em 79 municípios e 86 distritos. É o 6º do país em extensão territorial, média de 7,4 habitantes por km², mas com baixa densidade territorial. Localiza-se no sul da região Centro-Oeste, limita-se com cinco estados: Mato Grosso, Goiás, Minas Gerais, São Paulo e Paraná, com os centros consumidores mais populosos e maiores parques industriais, e dois países sul-americanos, Paraguai e Bolívia, com 13 municípios de fronteira, alguns de fronteira seca. E também está interligado por ferrovias, rodovias e hidrovias nos rios Paraná e Paraguai com a Argentina e o Uruguai (IBGE, 2022).

O estado possui ampla movimentação de estrangeiros, sendo observado que a maioria advém de países vizinhos, como Paraguai e Bolívia, ou de nações sem perspectiva diante da escassez de postos formais de trabalho e da miséria que os assola de forma crônica, como no caso de Venezuela, Síria, Colômbia e Haiti. As fronteiras apresentam o crime organizado e as facções, contribuindo também com o quantitativo da massa carcerária.

Segundo o Fórum Brasileiro de Segurança Pública (2023), o sistema prisional sul-mato-grossense tem a terceira maior taxa de preso por habitantes de todo o Brasil, representando 793,8 presos para cada 100 mil moradores. Em números absolutos, são 21.536 encarcerados, para 12.536 vagas, operando 171,79% acima da sua capacidade total de acomodação. Alberga inúmeras UP, cada uma com diferentes graus de contenção e exposição a comunidades externas através de atividades de rotina, sendo assim, apresenta-se como caso singular para estudo da disseminação da COVID-19 nas UP.

A Agência Estadual de Administração do Sistema Penitenciário de Mato Grosso do Sul (AGEPEN/MS) conta com 41 estabelecimentos penais estaduais (masculino e feminino), localizados em 20 municípios, em condição de regime fechado, aberto, semiaberto e monitoração eletrônica (AGEPEN/MS, 2022).

Segundo o Boletim Coronavírus de Mato Grosso do Sul – 11, foram confirmados os dois primeiros casos de COVID-19 em 14 de março de 2020 e o primeiro óbito em 31 de março de 2020. E, o primeiro caso confirmado em UP foi em 23 de maio de 2020 (MATO GROSSO DO SUL, 2020).

A epidemia de SARS-CoV-2 no estado de Mato Grosso do Sul consistiu em quatro ondas principais distintas, sendo a primeira com linhagens ancestrais (maio a setembro de 2020), a segunda variante Zeta – P2 (outubro a dezembro de 2020), terceira onda com a variante Gama – P1 (dezembro 2020 a maio 2021) e quarta onda, final de novembro de 2021, com a Ômicron – BA (Mazieiro *et al.*, 2023).

Os dados da COVID-19 no estado de Mato Grosso do Sul destacam oscilações dos indicadores, com altas taxas de incidência e mortalidade no ano 2021, com intensa circulação do vírus em todo estado e sobrecarga de todo o sistema de saúde, após a identificação da circulação da variante Gama – P1 (terceira onda) e a Ômicron – BA (quarta onda). Com mais de 622.486 casos e 11.180 mortes até dezembro de 2023. A vacinação da população mostrou-se efetiva para redução dos óbitos, apresentando a taxa de letalidade de 0,60% no ano de 2022 (**FIGURA 3**).

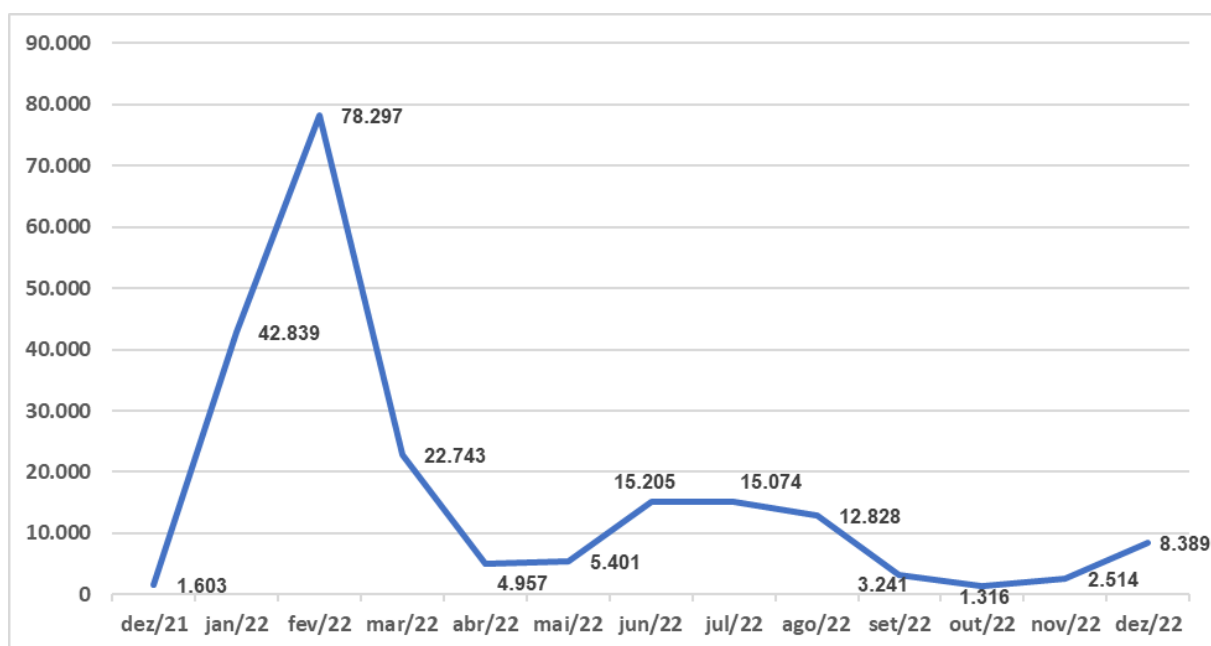
Figura 3. Indicadores Epidemiológicos da COVID-19 no estado de Mato Grosso do Sul de 2020 a 2023.

2020		2021	
Casos confirmados	133.761	Casos confirmados	246.644
Incidência (por 100 mil habitantes)	4.761,20	Incidência (por 100 mil habitantes)	8.687,10
Óbitos	2.397	Óbitos	7.358
Letalidade	1,80%	Letalidade	3,00%
Mortalidade (por 100 mil habitantes)	85,3	Mortalidade (por 100 mil habitantes)	259,2
2022		2023	
Casos confirmados	212.804	Casos confirmados	29.277
Incidência (por 100 mil habitantes)	7.719,50	Incidência (por 100 mil habitantes)	1.062,00
Óbitos	1.206	Óbitos	219
Letalidade	0,60%	Letalidade	0,70%
Mortalidade (por 100 mil habitantes)	43,7	Mortalidade (por 100 mil habitantes)	7,9

Fonte: MATO GROSSO DO SUL. Secretaria de Estado de Saúde de Mato Grosso do Sul. SES/MS. Boletim Coronavírus COVID-19 de 14 de fevereiro de 2024.

Em decorrência da variante Ômicron, o ano de 2022 apresentou um aumento abrupto dos casos confirmados no primeiro trimestre, sobretudo quando comparado a dezembro de 2021. Com declínio, nos meses subsequentes. (**FIGURA 4**).

Figura 4. Evolução do número de casos de COVID-19 no estado de Mato Grosso do Sul, dezembro de 2021 a dezembro de 2022.



Fonte: MATO GROSSO DO SUL. Secretaria de Estado de Saúde de Mato Grosso do Sul. SES/MS. Boletim Coronavírus COVID-19, dezembro de 2021 a dezembro de 2022.

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo Geral

Analisar as características epidemiológicas e genômicas, bem como a dinâmica de disseminação do SARS-CoV-2, entre os indivíduos encarcerados, nas UP do estado de Mato Grosso do Sul.

3.2 Objetivos específicos

- Descrever o perfil epidemiológico da COVID-19 na PPL;
- Caracterizar a sequência genômica das diferentes linhagens do vírus detectados em amostras clínicas provenientes da PPL;
- Identificar as linhagens virais das sequências genômicas geradas.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Desenho do estudo (tipo, local, período e população)

Trata-se de um estudo epidemiológico, observacional, descritivo transversal, realizada em duas UP de segurança máxima de Campo Grande, Mato Grosso do Sul: Penitenciária Masculina em Regime Fechado Gameleira I (PEMRFG I) e Penitenciária Masculina em Regime Fechado Gameleira II (PEMRFG II), a partir de dados epidemiológicos e genômicos.

Essas instituições foram selecionadas, devido às suas características semelhantes, o que inclui o seu *layout* estrutural idêntico, cada uma composta por 110 celas distribuídas em cinco Pavilhões designados como 1 (26 celas e 06 celas denominadas disciplinares), 2 (26 celas), 3 (26 celas e 06 denominadas disciplinares), 4 (10 celas) e inclusão (10 celas).

O período do estudo ocorreu de maio a outubro de 2022, um mês após o fim da declaração ESPIN, quando a variante Ômicron era predominante, e 11 meses após o início da vacinação, com melhora do cenário epidemiológico da COVID-19, uso facultativo da máscara de proteção individual no estado de Mato Grosso do Sul, e o retorno dos direitos da PPL a visitas presenciais, atividades de assistência religiosa, atividades de assistência educacional e outras como, partilha de áreas comuns, participação de atividades educativas, de trabalho, com ampla mobilidade fora das celas.

A população do estudo foi constituída de pessoas privadas de liberdade, com idade igual ou superior a 18 anos de idade e do sexo masculino. No período do estudo, essas UP tinham uma lotação média de 527 privados de liberdades (PEMRFG I) e 621 (PEMRFG II), divididos nas 110 celas, respectivamente.

Para compreender esse cenário prisional, é importante destacar a dinâmica dos encarcerados no ambiente prisional em ambas as UP, os quais são descritas no quadro a seguir:

Quadro 1. Descrição das atividades da dinâmica dos encarcerados no ambiente prisional.

Atividade	O que é?	Como é realizada?
Banho de sol (diariamente) exceto nos dias de visitas	Compreende uma atividade, em que os internos têm acesso à área aberta, para o banho de sol. No período do estudo, realizavam atividades de recreação, como: jogo de futebol, atividades físicas, entre outras.	São organizadas por grupos de horários, fazendo rodízios, destaca-se 3 grupos: Grupo 1: das 09 às 11:30h Pavilhões 1, 2 e 3 (Celas 101 a 113, 201 a 213, 301 a 313); Grupo 2: 13:00 às 15:30h Pavilhões 1, 2 e 3 (Celas 114 a 126, 214 a 226, 314 a 326); Grupo 3: Pavilhão 04 e Inclusão, todas as celas das 09 às 11:30h. <i>*As refeições e higiene íntima acontecem no interior de cada cela.</i>
Visitas presenciais adulto	Compreende as visitas de familiares aos internos.	São organizadas por dias da semana, também realizado rodízios: Grupo 1: primeira e terceira quarta-feira de cada mês: 09 às 11:30h Pavilhão 1 (Celas 101 a 113) no solário 1 e Setor Trabalho no solário 4; e das 13:00 às 15:30h Pavilhão 1 (Celas 114 a 126) no solário 1 e Pavilhão 04 no solário 3; Grupo 2: segunda e quarta quarta-feira de cada mês: 09 às 11:30h Pavilhão 2 (Celas 201 a 213) no solário 1 e Pavilhão 3 (Celas 301 a 313) no solário 4; e das 13:00 às 15:30h Pavilhão 2 (Celas 214 a 226) no solário 1 e Pavilhão 03 (Celas 314 a 326) no solário 3.
Visitas íntimas	A visita íntima ao indivíduo privado de liberdade poderá ser feita pela esposa (o) ou companheira (o), desde que, haja comprovação de vínculo entre eles; e concordância do indivíduo privado de liberdade consentindo o credenciamento.	Realizadas na terceira quarta-feira (Pavilhões 1, 4 e Inclusão) e na quarta quarta-feira do mês (Pavilhões 2 e 3), juntamente com as visitas normais.
Entrega de pertences	A entrega de pertence é realizada pelos familiares, e consiste na entrega de roupas, alimentos e/ou objetos aos internos, de acordo com os itens e embalagens permitidos pela instituição.	Primeiro sábado para Pavilhões 1, 4 e Inclusão e segundo sábado para Pavilhões 2 e 3.
Atendimento de advogados	Consiste nos atendimentos realizados pelos advogados, em caráter particular.	Dias pares nos Pavilhões 2 e 3 e dias ímpares Pavilhões 01, 04 e inclusão.

4.2 Coleta e análise de dados clínicos e sociodemográficos

Após o consentimento assinado (Termo de Consentimento Livre e Esclarecido – TCLE, Apêndice A), os participantes foram entrevistados pela equipe do estudo, conforme formulário (levantamento de dados clínicos e sociodemográficos – Apêndice B).

Os formulários foram digitalizados e prontamente carregados em um servidor online seguro e os originais, em papel, foram armazenados na Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), com acesso restrito ao pesquisador principal. O armazenamento de dados utilizou o sistema REDCap®, cujo acesso aos membros da equipe foi controlado por *logins* individuais para garantir a confidencialidade.

O anonimato dos participantes foi preservado através da codificação de cada conjunto de dados na entrada, mascarando qualquer informação de identificação. A situação vacinal foi verificada no Sistema de Informações do Programa Nacional de Imunizações (SI-PNI) e inserida no REDCap®. Este protocolo garantiu o gerenciamento seguro e confidencial dos dados dos participantes durante todo o estudo.

Os dados foram organizados em planilhas Excel e a análise exploratória descritiva através de técnicas gráficas simples (tabelas e figuras), explorando os padrões relevantes a respeito do tema do estudo. As variáveis analisadas: presença ou não de sintomas, idade, tempo de reclusão na UP versus a data do exame, comorbidades, situação vacinal e dados genômicos do SARS-CoV-2.

4.3 Coleta de amostras e triagem molecular

As coletas foram realizadas em dois momentos nas PEMRFG I e PEMRFG II, com testagem diária de aproximadamente 40 a 55 indivíduos, a fim de avaliar o comportamento do vírus. A primeira fase de coleta ocorreu de 3 a 25 de maio de 2022 e de 22 de agosto a 6 de setembro de 2022, para o PEMRFG I, com intervalo de 88 dias entre as etapas. O PEMRFG II ocorreu de 14 de junho

a 1º de agosto de 2022, e de 9 de setembro a 3 de outubro de 2022, com um intervalo de 39 dias.

A coleta de amostras foi realizada por profissionais de saúde treinados, membros da equipe do estudo, por meio de *swabs* nasofaríngeos, em participantes com e sem quaisquer sintomas clínicos. As amostras foram transportadas sob refrigeração até o Laboratório Central de Saúde do Estado de Mato Grosso do Sul (LACEN-MS) para realização de testes de RT-qPCR, com resultados disponíveis em até 48 horas no Sistema de Gestão Ambiental Laboratorial (GAL). As amostras foram coletadas no primeiro dia do teste em todos os participantes; e, a partir da confirmação, foram realizadas as coletas de amostras em cada contato exposto ao caso índice confirmado (companheiros de cela de caso índice com diagnóstico molecular positivo para SARS-CoV-2) no sétimo dia após a primeira coleta, com o objetivo de rastreamento e bloqueio da cadeia de transmissão.

Os casos confirmados de SARS-CoV-2 foram notificados de acordo com a ficha de notificação de Síndrome Gripal – SG Suspeita de Doença pelo Novo Coronavírus 2019 – COVID-19 (B34.2) do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN) (Anexo A) por meio da plataforma e-SUS Notifica e comunicados à equipe da saúde prisional. Os dados relativos à procedência de cada caso confirmado foram coletados na relação nominal da PPL, fornecido pelos funcionários de cada UP. Os resultados laboratoriais foram inseridos no REDCap® e posteriormente analisados.

4.4 Sequenciamento completo do genoma e análise filogenética

As amostras, com diagnóstico molecular positiva, foram submetidas ao sequenciamento de nova geração, no LACEN/MS, com treinamento presencial em vigilância genômica, aos funcionários locais, pela equipe de pesquisadores da Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG, do projeto “ViGeCoV2: Núcleo de vigilância genômica em tempo real do SARS-CoV-2 no Brasil”.

Para sequenciamento genômico, as amostras foram submetidas à tecnologia *Oxford Nanopore* (Giovanetti *et al.*, 2022). Os dados de

sequenciamento foram processados usando a ferramenta *Genome Detective* (Vilsker *et al.*, 2019). A atribuição de linhagem foi realizada usando a ferramenta PANGOLIN (Rambaud *et al.*, 2020).

As novas sequências geradas no estudo foram comparadas com um conjunto diversificado de sequências genômicas (n= 3.036) amostras em todo o mundo. Considerando a grande quantidade de dados disponíveis naquele momento, utilizou-se a ferramenta *Subsampler* disponível em <https://github.com/andersonbrito/subsampler>, que por sua vez é um *pipeline* para subamostragem de dados genômicos com base em dados de séries temporais epidemiológicas. Todas as sequências foram alinhadas usando a ferramenta *ViralMSA* (Moshiri, 2021) e o *IQ-TREE2* (Minh *et al.*, 2020) foi usado para análise filogenética usando a abordagem de máxima verossimilhança. O *TreeTime* (Sagulenکو; Puller; Neher, 2018) foi usado para transformar esta topologia de árvore ML em uma árvore datada, usando uma taxa média constante de 8,0 x 10⁻⁴ substituições de nucleotídeos por local por ano.

Todos os resultados foram analisados em conjunto com dados clínicos e demográficos, análises de sequenciamento genômico e filogenético e, posteriormente, discutidos à luz do referencial teórico estudado.

4.5 Considerações éticas

A aprovação ética do estudo foi concedida pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CEP) da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG) em 20 de janeiro de 2021 (Parecer nº 4.504.785, CAAE 32912820.6.1001.5149), pois este estudo faz parte do projeto “ViGeCoV2: Núcleo de vigilância genômica em tempo real do SARS-CoV-2 no Brasil”, uma interação da pesquisadora com uma equipe de pesquisadores da Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG.

O consentimento informado foi obrigatório para todos os participantes do estudo e documentado através de um formulário padronizado, com métodos alternativos, como a impressão digital, usada para aqueles que não conseguiam assinar, testemunhados por terceiros. A recusa ou não consentimento da participação levou à exclusão do participante.

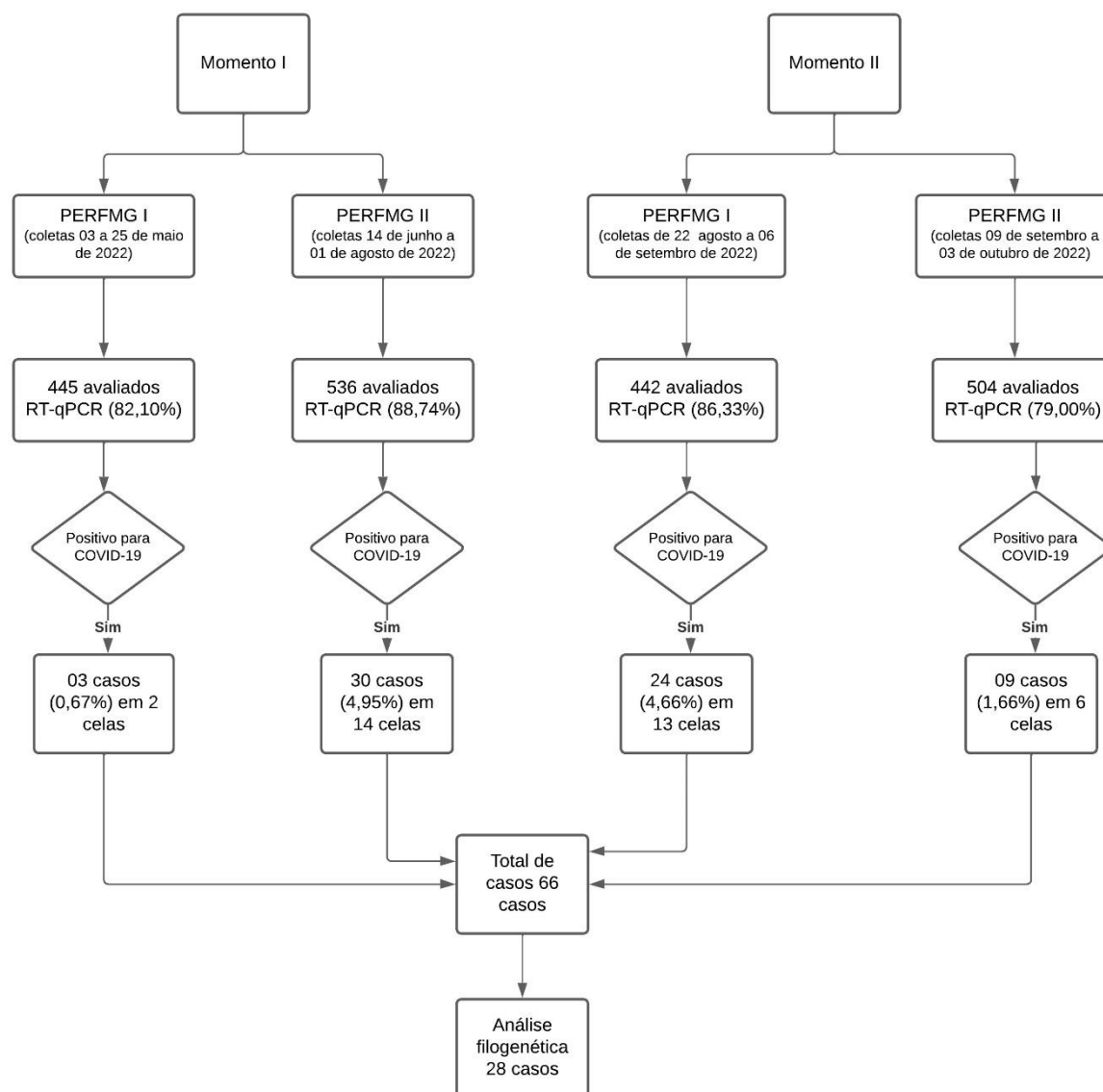
O recrutamento envolveu comunicação clara do escopo do estudo e garantia de não haver consequências pela não participação. O cumprimento das medidas de segurança foi assegurado em colaboração com as autoridades prisionais. Em conformidade com os regulamentos de saúde, os casos confirmados foram notificados às autoridades de saúde relevantes, mantendo estrita confidencialidade dos dados.

5 RESULTADOS

Foram investigadas 1.927, de um total de 2.296, PPL (83,93% da população carcerária total) nas duas instalações, entre maio e outubro de 2022. Foram coletadas 2.108 amostras, sendo identificadas 66 (3,13%) positivos para SARS-CoV-2 por RT-qPCR, predominantemente entre indivíduos assintomáticos (77,27%), e 2.042 negativas (96,87%).

A coleta de dados se deu em dois momentos, no momento 1 (maio a agosto de 2022) foram avaliados 981 internos, e no momento 2 (agosto a outubro de 2022) foram avaliados 946 internos, de ambos os estabelecimentos penais, perfazendo um total de 1.927 investigações. Este fluxo de seleção de amostra, está apresentado na figura 5, sobre triagem diagnóstico moleculares positivos e análise filogenética para SARS-CoV-2 na PPL.

Figura 5. Triagem, diagnóstico molecular positivo e análise filogenética para SARS-CoV-2 na PPL do estado de Mato Grosso do Sul, 2022.



Quanto à distribuição etária, a mediana de idade foi de 29 anos, variando entre 18 anos a 47 anos, a situação vacinal variou de não vacinado à terceira dose. Observa-se um aumento do número de casos confirmados entre os dois momentos na PEMRFG I, e também 42,72% de novos ingressos. Já, na PEMRFG II há redução dos casos confirmados e também incremento de novos internos (50,57%). Destaca-se que no segundo momento, quase 50% das coletas foram executadas em novos internos.

A seguir, as características clínicas e demográficas dos casos confirmados no estudo (**TABELA 1**):

Tabela 1 - Características clínicas e demográficas da PPL com SARS-CoV-2 no estado de Mato Grosso do Sul, 2022.

Variáveis	n	%
Faixa etária		
18 a 19 anos	7	10,61
20 a 29 anos	31	46,97
30 a 39 anos	17	25,76
40 a 49 anos	11	16,67
Manifestação clínica		
Sintomática	15	22,73
Assintomática	51	77,27
Comorbidades		
Sim	9	13,64
Não	57	86,36
Situação vacinal		
Uma dose	17	25,76
Duas doses	14	21,21
Três ou mais	9	13,64
Nenhuma dose	26	39,39
Reclusão X Data da amostra		
0 a 5 dias	3	4,54
6 a 10 dias	7	10,61
11 a 15 dias	11	16,67
16 a 30 dias	30	45,45
≤ 31 dias	15	22,73
Carga viral (CT)		
≤ 29	28	42,42
≥ 30	38	57,58
Local dos casos		
Pavilhão 1	2	3,03
Pavilhão 2	49	74,24

Pavilhão 3	13	19,70
Pavilhão 4	0	0,00
Inclusão	2	3,03

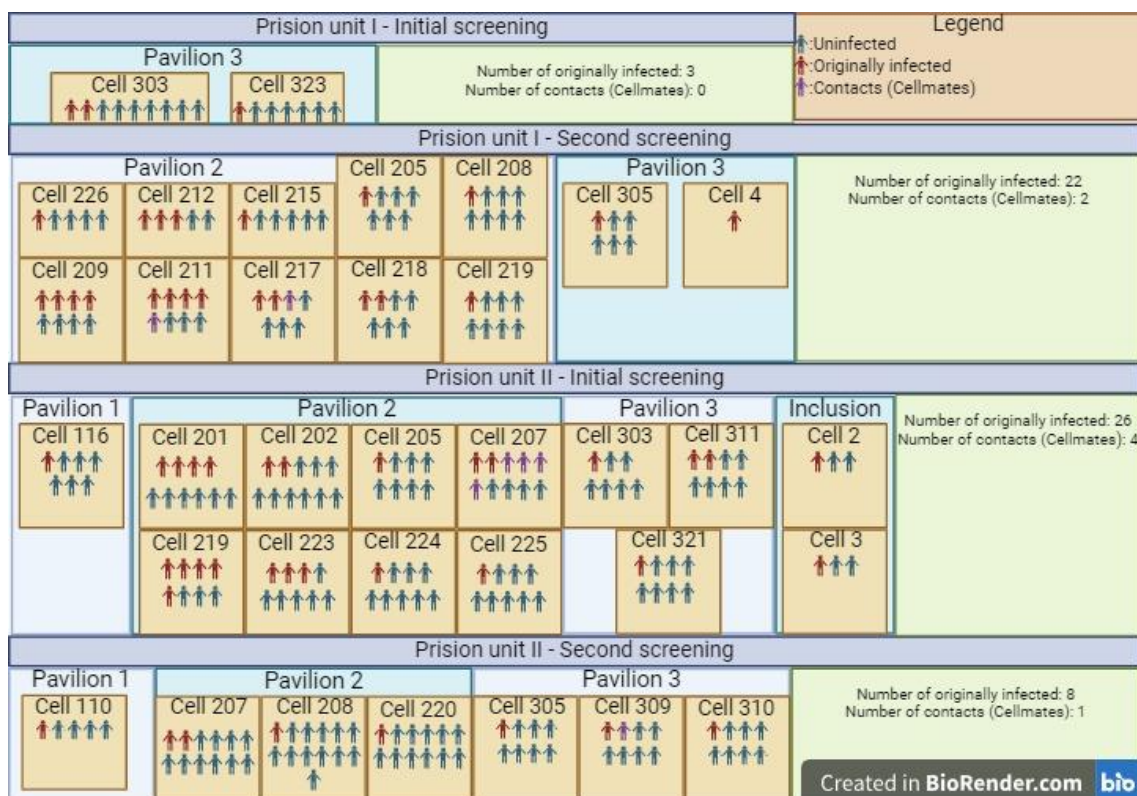
A população foi predominante de adultos jovens, menores de 40 anos (83,34%), assintomáticos (77,27%), sem comorbidades (86,36%), vacinados (60,61%), alojados no Pavilhão 2 (74,24%), ingressantes na UP em até 15 dias (31,81%), período considerado de exposição à infecção.

Com relação aos sintomas presentes entre os positivos, a partir dos 15 casos relatados, foram predominantes: tosse, presente em 11/15 casos (73,33%), dor de cabeça, presente em 10/15 casos (66,66%), febre, presente em 9/15 casos (60,00%) e dor de garganta, presente 8/15 casos (53,33%). Coriza, presente em 5/15 casos (33,33%), e dispneia, presente em 3/15 casos (20,00%) foram os sintomas de frequência intermediária. Os sintomas menos frequentes foram espirro e distúrbios olfativos presentes em 1/15 casos (6,66%).

Dos casos confirmados, 59 (89,39%) foram considerados índices e sete (10,61%) contatos dos mesmos. Das comorbidades relatadas apresentaram-se: Tuberculose (TB), Bronquite, Hipertensão Arterial Sistêmica – HAS e Cardiopatia Crônica.

No período do estudo foram registradas 35 celas com casos confirmados, destas oito celas com surtos (presença de três ou mais casos). E uma média de oito pessoas por cela (**Figura 6**).

Figura 6. Distribuição de casos confirmados de SARS-CoV-2, por celas e pavilhões no estado de Mato Grosso do Sul e nas UP do estudo, maio a outubro de 2022.



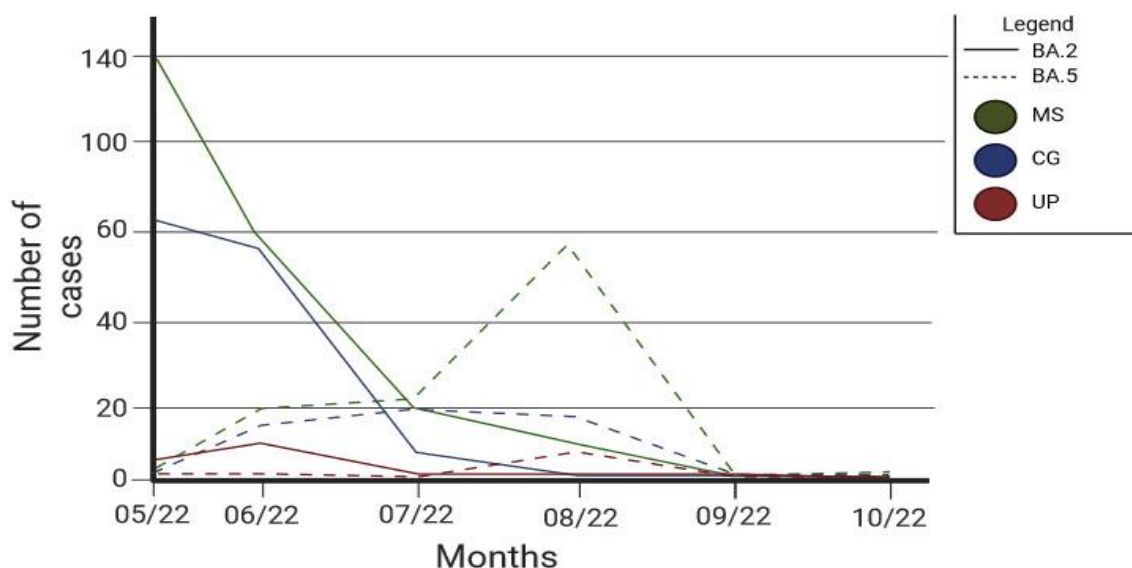
A recomendação da equipe da pesquisa foi a de isolamento dos infectados. Inicialmente foram isolados em celas exclusivas para esta finalidade, no entanto, em virtude do número de casos, foi necessário realizar o isolamento nas próprias celas, totalizando 11 isolados em celas exclusivas (16,67%) e os demais 55 dentro das próprias celas (83,33%). Durante os dias de isolamento foram também recomendadas as suspensões de atividades nas áreas comuns e as visitas presenciais.

As amostras dos casos positivos para SARS-CoV-2, por teste RT-qPCR em tempo real, foram submetidas ao sequenciamento genômico de nova geração, e 28 (42,42%) geraram genoma completo, com 99% de cobertura, detectando 19 casos da linhagem BA.2 (67,85%) e nove da linhagem BA.5 (32,15%), entre os meses de junho a setembro de 2022, com base no ciclo de replicação da genética viral (*Ct – cycle threshold*), $n=24$ $Ct \leq 29$: alta e $n=4$ $CT \leq 30$: baixa. As demais amostras não geraram genomas com cobertura suficiente

para serem identificadas, o que pode estar relacionado a uma carga viral baixa e/ou degradação do material genético.

A linhagem BA.2 foi predominante no estudo (junho a setembro), seguida da BA.5 (junho e agosto), que refletiu as tendências também observadas no estado de Mato Grosso do Sul (**Figura 7**).

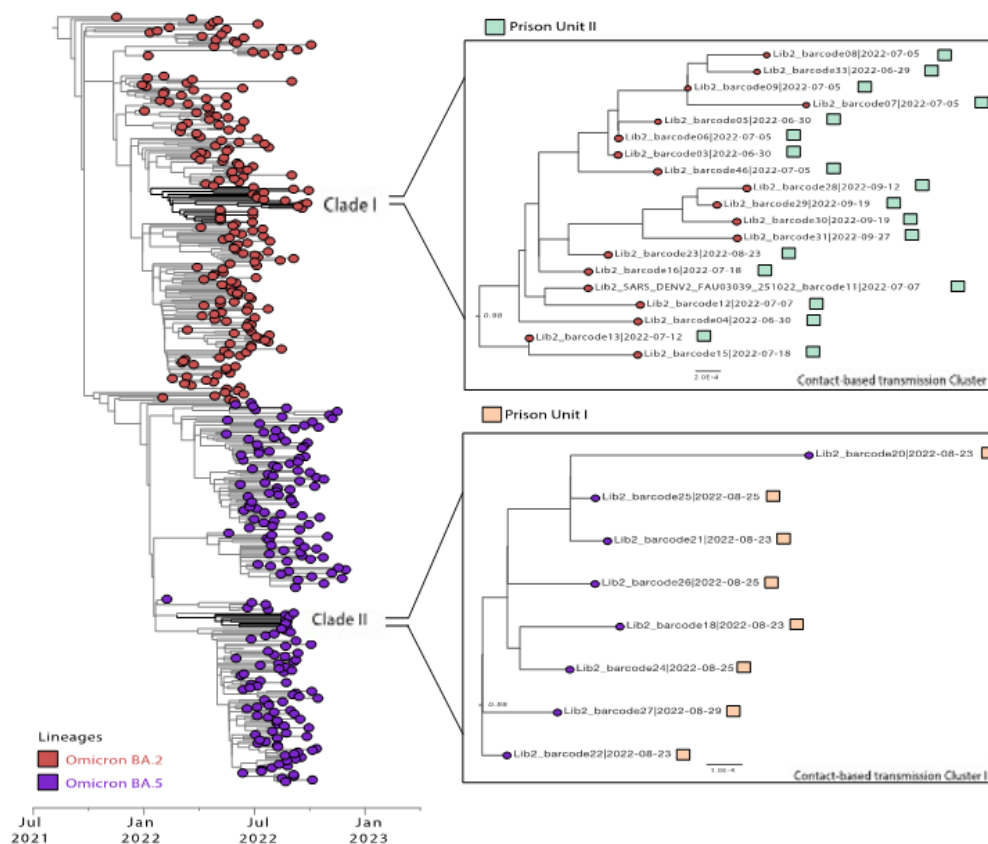
Figura 7. Dinâmica das linhagens BA.2 e BA.5 na capital, no estado de Mato Grosso do Sul e nas UP do estudo, maio a outubro de 2022.



Fonte: MATO GROSSO DO SUL. Secretaria de Estado de Saúde de Mato Grosso do Sul. SES/MS. Boletim Coronavírus COVID-19, maio a outubro de 2022.

As novas sequências geradas neste estudo foram comparadas com um conjunto diversificado de sequências genômicas ($n= 3.036$) amostradas em todo o mundo, coletadas até 15 de outubro de 2022, de acordo com o período de estudo. As análises filogenéticas realizadas revelaram a formação de dois clados monofiléticos distintos nos genomas virais coletados nas UP, correlacionando-se estreitamente com as variantes BA.2 e BA.5 da linhagem Ômicron do SARS-CoV-2 (**Figura 8**).

Figura 8. Reconstrução genômica e epidemiológica SARS-CoV-2 circulantes em UP do estado de Mato Grosso do Sul.



Dos 28 genomas sequenciados, 20 (71,43%) eram de infecções assintomáticas e 8 (28,57%) eram de infecções sintomáticas. Nove destes genomas, são de PPL que adentraram na UP com menos de 14 dias, oriundos de outros estabelecimentos de segurança, sendo quatro de Campo Grande, três de Dourados e dois de Paranaíba, sugerindo que as infecções foram adquiridas fora destas UP. Nossa reconstrução filogenética revelou dois grupos de transmissão, designados como Clade I e Clade II. O Clade I inclui 19 sequências genômicas de prisioneiros infectados com a variante Ômicron BA.2, enquanto o Clade II é composto por nove sequências genômicas associadas à variante Ômicron BA.5.

O primeiro caso do clade I, ingressado há oito dias na PEMRFG II, no primeiro momento do estudo, com presença de sintomas e sem nenhuma dose de vacina contra COVID-19, vindo da Delegacia de Pronto Atendimento

Comunitário – DEPAC, Campo Grande/MS. Referente ao clade II, o caso índice, ingressado há 14 dias, assintomático, no segundo momento da PEMRFG I, adentrou há 14 dias, assintomático, imunizado com duas doses de vacina no ano de 2021, oriundo da Penitenciária Estadual de Dourados – PED.

6 DISCUSSÃO

O avanço da pandemia ocorreu de forma rápida, atingindo vários contextos de alta densidade populacional, incluídas as UP que, conforme suas condições, apresentam relevantes desafios para o controle da infecção (Reinhart; Chen, 2020). Autores como Byrne *et al.* (2020) denominaram estes contextos como os que criam “tempestades imperfeitas” já que, mesmo ao longo da história, perpetuam uma condição inadequada de infraestrutura e saúde que propicia o desenvolvimento de doenças infecciosas e surtos como os da COVID-19 (Suhomlinova *et al.*, 2020).

Nestes contextos, desafios como os da ventilação deficiente, limitação de espaço físico, saneamento deficitário e a superlotação, entre outros, potencializam a frequência de exposição e infecção ao SARS-CoV-2 e comprometem a capacidade de redução da dinâmica de transmissão (Kinner *et al.*, 2020; Franco-Paredes *et al.*, 2020; WHO, 2020). É possível afirmar que as UP do estudo apresentaram tais condições e desafios, em especial, aos surtos identificados no período.

O estudo, no segundo momento, demonstrou também a alta dinamicidade que ocorreu nas UP, em curto intervalo de tempo. Um estudo de Reinhart *et al.* (2020) destacou a rotatividade nas prisões como preditora positiva da COVID-19, a partir da análise da admissão e libertação de PPL para a comunidade, refletindo sobre a exposição ocorrer em “espaços de alto risco de infecção nas prisões e depois libertadas para as suas comunidades”, uma vez que algumas UP nos Estados Unidos aceleraram a liberação de PPL de baixo risco durante a pandemia. Isto não foi o caso do estudo, mas pode-se fazer uma analogia em relação à rotatividade, identificadas na dinâmica desta PPL, entre delegacias e prisões estaduais durante o cumprimento da sentença, sendo 42,72% da PEMRFG I e 50,57% na PEMRFG II.

Nos contextos de UP há de se considerar que a rotatividade e o ingresso de novos PPL podem disparar a ocorrência de surtos. Em um estudo na Prisão Estadual de San Quentin, Califórnia, após a transferência de 122 pessoas encarceradas, todas não tinham nenhuma infecção conhecida por COVID-19. Na chegada, dois homens relataram sintomas semelhantes aos da

COVID-19, e ao final identificou-se um surto generalizado, com 2.241 (62,3%) da população total com casos confirmados. A COVID-19 espalhou-se rapidamente pelos blocos de celas, onde residiam 85% das pessoas encarceradas (Kwan *et al.*, 2022).

Neste sentido, Shen *et al.* (2021) apontam que uma PPL com COVID-19 dentro de uma cela tem 60% de chances de infectar o outro residente da cela, especialmente tendo em conta a má ventilação dentro das prisões.

Outra situação que contribui para numerosos surtos de COVID-19, são as transferências de estabelecimentos prisionais e também dentro do próprio ambiente prisional (Barnet; Kwan; Williams, 2021). Os dados do estudo mostram que 21 ingressaram na UP infectados, transferidos de outros estabelecimentos prisionais do Estado, 14 oriundos do município de Campo Grande/MS, quatro de Dourados/MS, dois de Paranaíba/MS e um de Dois Irmãos do Buriti/MS. Esta dinâmica contribuiu para os oito surtos identificados no período.

As UP, por sua natureza, são contextos com constante fluxo de pessoas de fora, por exemplo, funcionários (guardas, faxineiros, etc.), advogados e familiares. Em ocorrência de doenças infecciosas, sabe-se que uma vez infectado um único prisioneiro, rapidamente poderá surgir um surto (Esposito *et al.*, 2022). Assim, uma das estratégias utilizadas na prevenção de doenças infecciosas é a triagem em massa, recomendada tanto em situação de ingresso quanto na liberação de PPL, incluindo sintomáticos e assintomáticos.

Com o avanço da pandemia, os testes realizados em assintomáticos cresceram significativamente na população em geral, pois indivíduos assintomáticos podem representar reservatório da infecção e contribuir significativamente para a manutenção da pandemia (Zuin *et al.*, 2021), uma vez que os testes baseados em sintomas não conseguem identificar pessoas assintomáticas e pré-sintomáticas, que representam cerca de 40% a 45% das pessoas infectadas em todos os ambientes (Gandhi; Yokoe; Havlir, 2020; Oran; Topol, 2020). Sabe-se que assintomáticos liberam a mesma quantidade de vírus semelhante às pessoas sintomáticas (Arons *et al.*, 2020; Le *et al.*, 2020).

No contexto de UP, HAGAN *et al.* (2020) definiram como estratégia a testagem em massa consistida em oferta de testes de SARS-CoV-2, por meio de RT-qPCR a todas as pessoas encarceradas independentemente da presença ou histórico de sintomas e a realizaram em 16 prisões nos EUA, constatando um

aumento médio de 12,1 vezes em relação ao número de casos identificados em relação aos testes anteriores realizados apenas em sintomáticos.

Outro estudo, em sete prisões da Espanha, entre março de 2020 a junho de 2022, em 42.000 presos, revelou também que a maioria dos casos notificados de COVID-19 foram assintomáticos (64,1%) (Hernando *et al.*, 2023).

Assim, frente aos desafios de superlotação e limitação de espaço físico que restringe o isolamento preconizado para doenças infecciosas, a triagem em massa, utilizada na pandemia em contextos de UP, mostra-se uma estratégia de controle da infecção. Neste estudo, foi realizada em dois momentos e os achados possibilitaram a limitação da disseminação da doença, pois após a confirmação, deu-se o isolamento e realizou-se o rastreo dos contatos. O rastreo e o isolamento também foram estratégias eficazes para a não disseminação no ambiente prisional.

Em contextos de superlotação, a estreita vigilância para identificar rapidamente a introdução do vírus e o pronto bloqueio da transmissão são fundamentais para evitar a disseminação (Sánchez *et al.*, 2020). O rastreo de contato identifica rapidamente os casos secundários que possam surgir, de modo a interromper a transmissão posterior e encerrar os surtos (Clarke *et al.*, 2020). Como já relatado, o estudo realizou a estratégia de rastreo e identificou sete dos casos confirmados, e aplicou a estratégia do isolamento.

Em Louisiana, Njuguna *et al.* (2020) realizaram testes seriados entre contatos em um centro correcional e de detenção, entre abril e maio de 2020, nos dias um, quatro e catorze, objetivando identificar os casos positivos e seus contatos e aplicaram o isolamento. Os testes apontaram que um curto intervalo de reteste poderia melhorar a identificação de casos e que a detecção precoce e o isolamento de pessoas com COVID-19, juntamente com o teste de contatos próximos, podem retardar a transmissão do SARS-CoV-2 em instalações prisionais. Nesse mesmo estudo, os testes entre contatos identificaram elevada proporção de casos assintomáticos que não seriam identificados através do rastreo de sintomas.

Neste sentido, Malloy *et al.* (2021) ao analisarem as estratégias de mitigação da COVID-19 em um contexto de UP americana também destacam que o rastreo dos contatos dos casos positivos se mostra eficaz, interrompendo a cadeia de transmissão. Mas apontam ainda que diminuir o número de novas

admissões e realizar testes de assintomáticos no momento de admissão e liberação são estratégias a serem consideradas.

A proteção da vacina foi eficaz na prevenção de casos graves e óbitos. Estudo anterior identificou que uma dose de reforço contribuiu para maior proporção de infecção assintomática, doença não grave, na onda Ômicron (Yu *et al.*, 2022). Nossos achados mostram que mais de 60% estavam vacinados entre uma a três doses vacinadas contra COVID-19. Os dados sugerem que pessoas vacinadas têm maior incidência de casos assintomáticos e sem gravidades.

Durante a onda Ômicron, taxas mais altas de infecção assintomática, onde a mais significativa das infecções assintomáticas é a capacidade do vírus de se espalhar rapidamente (Slavov *et al.*, 2023). E a fim de investigar a circulação da variante Ômicron no estado de Mato Grosso do Sul, com amostras por conveniência (n=69 amostras), de janeiro a fevereiro de 2022, um estudo identificou a linhagem BA.1 e os dados genômicos indicaram múltiplos eventos de introdução, sugerindo que a mobilidade humana desempenhou um papel diferencial na dinâmica de dispersão da variante em todo o estado (Maziero *et al.*, 2023).

Neste estudo, as linhagens detectadas foram a BA.2 (junho, julho, agosto e setembro de 2022) e a BA.5 (junho e agosto 2022), sendo identificados os clados monofiléticos, que fornecem evidências robustas de transmissão linear e rastreável do vírus, enfatizando a presença de cadeias de transmissão específicas dentro do ambiente prisional estudado. Esta observação é crucial, considerando as características únicas de ambientes confinados, que potencialmente facilitam a propagação rápida e ampla do vírus.

Em um estudo realizado em uma das maiores prisões urbanas dos EUA que examinou a epidemiologia genômica do SARS-CoV-2 no início da pandemia, junto aos indivíduos que entraram na prisão ou que já estavam encarcerados, foi possível identificar 157 clusters que demonstraram a seguinte circulação: clusters somente de prisão (18,5%), clusters somente de cepas da comunidade (73,2%) e clusters de prisão/comunidade (8,2%). Estes achados realçam uma acentuada transmissão de extensa importação da COVID-19 da comunidade (Adediran *et al.*, 2020). A vigilância genômica e a análise filogenética são importantes na compreensão da dinâmica da transmissão nos

contextos, em especial nas UP e podem contribuir na definição de protocolos operacionais em novas epidemias de doenças infecciosas.

As análises filogenéticas do estudo revelaram a formação de dois clados monofiléticos distintos nos genomas virais coletados, correlacionando-se estreitamente com as variantes BA.2 e BA.5 da linhagem Ômicron do SARS-CoV-2, enfatizando a presença de cadeias de transmissão específicas dentro das UP estudadas. Assim, a identificação destas, servem como um ponto de partida crítico para um rastreamento de contatos eficaz e oportuna. A adoção dessa abordagem proativa não só auxilia na contenção imediata do surto, mas também contribui para a compreensão mais ampla das dinâmicas de transmissão do vírus, fornecendo *insights* valiosos para a formulação de estratégias preventivas e reativas em ambientes similares.

7 CONCLUSÃO

A PPL, grupo particularmente suscetível, com grande risco de adoecer por doenças infecciosas, devido a um conjunto de fatores, com destaque para as condições estruturais, a alta rotatividade e a dinamicidade, características que devem ser consideradas como potenciais introdutoras da infecção dentro das UP.

O estudo apresentou uma população jovem, sem comorbidades, predominantemente assintomática (77,27%), com novos ingressos na UP com menos de 15 dias (31,81%) e maior número de casos positivos no pavilhão de entrada, pavilhão 2. No segundo momento, em ambas as UP, a alta rotatividade e dinamicidade, com incremento de 42,72% novos internos (intervalo de 88 dias) na PEMRFG I e 50,57% na PEMRFG II (intervalo de 39 dias), num curto espaço de tempo.

Foram analisados casos índices e seus contatos, o que demonstrou que o rastreio de contatos a partir da identificação dos casos índices permitiu a detecção precoce de casos entre companheiros que foram expostos ao vírus SARS-CoV-2, inclusive de assintomáticos, auxiliando no controle e na interrupção da cadeia de transmissão. E o isolamento exclusivo ou por celas foi eficaz para a não disseminação da doença no ambiente prisional, bem como a estratégia de rastreamento de contatos que deve ser considerada como protocolo operacional para controle das infecções nos ambientes prisionais.

A presença das variantes BA.2 e BA.5, particularmente notória por suas mutações genéticas que podem influenciar a transmissibilidade viral e a eficácia da resposta imune, requer uma atenção meticulosa. A detecção dessas variantes específicas destaca a necessidade de uma abordagem direcionada para a implementação de estratégias de saúde pública, tais como a adequação de protocolos de vacinação alinhados às peculiaridades genéticas do vírus em circulação. Além disso, a clareza na identificação de linhagens virais específicas dentro da UP serve como um ponto de partida crítico para um rastreamento de contatos eficaz e direcionado.

A adoção de uma abordagem proativa não só auxilia na contenção imediata do surto, mas também contribui para a compreensão ampla das dinâmicas de transmissão do vírus, fornecendo *insights* valiosos para a formulação de estratégias preventivas e reativas em ambientes similares. Portanto, os resultados obtidos nas análises filogenéticas sublinham a importância da vigilância genômica contínua e sua integração com as intervenções de saúde pública, visando uma resposta mais informada e eficiente contra a disseminação do SARS-CoV-2 em populações confinadas e vulneráveis.

Por fim, o estudo enfatiza a necessidade crítica de detecção precoce, com testagem na entrada, saída e rastreamento de contato, juntamente com esforços na vacinação, adesão estrita às medidas preventivas para controlar a transmissão da COVID-19 no ambiente de alto risco das UP e reforça que o sequenciamento contínuo do genoma é essencial para o monitoramento da propagação da doença e da atividade e evolução do vírus. Essa vigilância é crucial para fornecer informações essenciais para a formulação de estratégias de contenção direcionadas. Estas percepções são fundamentais para orientar as decisões políticas e estratégias de saúde para proteger os indivíduos encarcerados e, por extensão, a comunidade em geral, dos impactos de longo alcance da COVID-19.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABBOUD, Hilal; ABBOD, Fatima Zahra; KHARBOUCH, Hanane; ARKHA, Yasser; ABBADI, Najia Ei; QUAHABI, Abdessamad. COVID-19 and SARS-Cov-2 Infection: Pathophysiology and Clinical Effects on the Nervous System. **World Neurosurg.** 2020. Disponível em: DOI: 10.1016/j.wneu.2020.05.193.

ADERIRAN, Timileyin; ZAWUITZ, Chad; PIRIANI, Ali; BENDICT, Emily; THIEDE, Stephanie; AROUTCHEVA, Alla; GREEN, Stefan J; WELBEL, Sharon; WEINSTEIN, Robert A; SNITKIN, Evan; POPOVICH, Kyle J. Genomic Epidemiology of SARS-cov-2 in a County Jail. **Open Forum Infectious Diseases.** 2024. Disponível em: DOI: 10.1093/ofid/ofad675.

AGEPEN. Agência Estadual de Administração do Sistema Penitenciário de Mato Grosso do Sul. Disponível em: <https://www.agepen.ms.gov.br>. Acesso em: 01 de julho de 2022.

ANDREWS, Nick; STOWE, Julia; KIRSEBOM, Freja; TOFFA, Samuel; RICKEARD, Tim; GALLAGHER, Eileen; GOWER, Charlotte; KALL, Meaghan; GROVES, Natalie; O'CONNELL, Anne-Marie; SIMONS, David; BLOMQUIST, Paula B; ZAIDI, Assad; NASH, Sophie; AZIZ, Nurin Iwani Binti Abdul; THELWALL, Simon; DABRERA, Gavin; MYERS, Richard; AMIRTHALINGAM, Gayatri; GHARBIA, Saheer; BARRETT, Jeffrey C; ELSON, Richard; LADHANI, Shamez N; FERGUSON, Neil; ZAMBON, Maria; CAMPBELL, Colin N J; BROWN, Kevin; HOPKINS, Susan; CHAND, Meera; RAMSAY, Mary; BERNAL, Jamie Lopez. COVID-19 Vaccine Effectiveness against the Omicron (B.1.1.529) Variant. **N. Engl. J. Pub Med.** 2022. Disponível em: DOI: 10.1056/NEJMoa2119451.

ANSELMO, Livia Maria Pala; GALLO, Juliana Failde; PINHATA, Juliana Maira Watanabe; PERONNI, Kamila Chagas; SILVA JUNIOR, Wilson Araújo; RUY, Patricia Cássia; CONCEIÇÃO, Emilyn Costa; DIPPENAAR, Anzaan; WARREN, Robin Mark; MONROE, Aline Aparecida; OLIVEIRA, Rosângela Siqueira; BOLLELA, Valdes Roberto. New insights on tuberculosis transmission dynamics and drug susceptibility profiles among the prison population in Southern Brazil based on whole-genome sequencing. **Rev Soc Bras Med Trop.** 2023. Disponível em: DOI: 10.1590/0037-8682-0181-2022.

ARANHA, Clara; PATEL, Vainav; BHOR, Vikrant; GOGOI, Dimpu. Cycle threshold values in RT-PCR to determine dynamics of SARS-CoV-2 viral load: An approach to reduce the isolation period for COVID-19 patients. **J Med Virol.** 2021. Disponível em: DOI: 10.1002/jmv.27206.

ARONS, Melissa M; HATFIELD, Kelly M; REDDY, Sujan C; KIMBALL, Anne; JAMES, Allison; JACOBS, Jessica R; TAYLOR, Joanne; SPICER, Kevin; BARDOSSY, Ana C; OAKLEY, Lisa P; TANWAR, Sukarma; DYAL, Jonathan W; HARNEY, Josh; CHISTY, Zeshan; BELL, Jeneita M; METHNER, Mark; PAUL, Prabasaj; CARLSON, Christina M; MCLAUGHLIN, Heather P; THORNBURG, Natalie; TONG, Suxiang; TAMIN, Azaibi; TAO, Ying; UEHARA, Anna; HARCOURT, Jennifer; CLARK, Shauna; BROSTROM-SMITH, Claire; PAGE, Libby C; KAY, Meagan; LEWIS, James; MONTGOMERY, Patty; STONE, Nimalie D; CLARK, Thomas

A; HONEIN, Margaret A; DUCHIN, Jeffrey S; JERNIGAN, John A. Presymptomatic SARS-CoV-2 infections and transmission in a skilled nursing facility. **N Engl J Med**, 2020. Disponível em: DOI: 10.1056/NEJMoa2008457.

BARNERT, Elizabeth; KWAN, Ada; WILLIAMS, Brie. Ten Urgent Priorities Based on Lessons Learned From More Than a Half Million Known COVID-19 Cases in US Prisons. **Sou J Saúde Pública**. 2021. Disponível em: DOI: 10.2105/AJPH.2021.306221.

BRASIL. Ministério da Saúde. Ministério da Justiça. Fundação Oswaldo Cruz. Escola de Governo Fiocruz. Brasília: Ministério da Saúde; Ministério da Justiça. **Caracterização do Sistema Prisional e sua Correlação com a Saúde**. Brasília: 2021.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria Extraordinária de Enfrentamento à COVID-19 –Secovid. Plano Nacional de Operacionalização da Vacinação Contra a COVID-19. 12ª edição. Brasília/DF, 01 de fevereiro de 2022. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/coronavirus/publicacoes-tecnicas/quias-e-planos/plano-nacional-de-operacionalizacao-da-vacinacao-contra-covid-19.pdf>. Acesso em 15 de junho de 2022.

BROOKS, Samantha K; WEBSTER, Rebecca K; SMITH, Louise E; WOODLAND, Lisa; WESSELY, Simon. The psychological impact of quarantine and how to reduce it: rapid review of the evidence. **The lancet**. 2020. Disponível em: DOI: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30460-8](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30460-8).

BULLARD, Jared; DUST, Kerry; FUNK, Duane; STRONG, James E; ALEXANDER, David; GARNETT, Lauren; BOODMAN, Carl; BELLO, Alexander; HEDLEY, Adam; SCHIFFMAN, Zachary; DOAN, Kaylie; BASTIEN, Nathalie; LI, Yan; CAESELEE, Paul G Van; POLIQUIN, Guillaume. Predicting Infectious Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 From Diagnostic Samples. **Clin Infect Dis**. 2020. Disponível em: DOI: 10.1093/cid/ciaa638.

BYRNE, James; RAPISARDA, Sabrina, S; HUMMER, Don; KRAS, Kimberly R. And Imperfect Storm: Identifying the Root Causes of COVID-19 Outbreaks in the World's Largest Corrections Systems. **An International Journal of Evidence-based Research, Policy, and Practice**. 2020. Disponível em: DOI: <https://doi.org/10.1080/15564886.2020.1838373>.

CLARKE, Mattea; DEVLIN, John; CONROY, Emmett; KELLY, Enda; TOFT, Sunita Sturup. Establishing prison-led contact tracing to prevent outbreaks of COVID-19 in prisons in Ireland. **J Public Health (Oxf)**. 2020. Disponível em: DOI: 10.1093/pubmed/fdaa092.

ESPOSITO, Massimiliano; SALERNO, Monica; NUNNO, Nunzio Di; MINISTERI, Federica; LIBERTO, Aldo; SESSA, Francesco. The Risk of COVID-19 Infection in Prisons and Prevention Strategies: A Systematic Review and a New Strategic Protocol of Prevention. **Healthcare (Basel)**. Disponível em: DOI: 10.3390/healthcare10020270.

FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA. 17º Anuário Brasileiro de Segurança Pública. São Paulo: Fórum Brasileiro de Segurança Pública, 2023. Disponível em: <https://forumseguranca.org.br/wp-content/uploads/2023/07/anuário-2023.pdf>. Acesso em: 10 de julho de 2023.

FRANCO-PAREDES, Carlos; JANKOUSKY, Katherine; SCHULTZ, Jonathan; BERNFELD, Jessica; CULLEN, Kimberly; QUAN, Nicolas G; KON, Shelley; HOTEZ, Peter; MARTINES, Andrés F Henao; KRSACK, Martin. COVID-19 in jails and prisons: A neglected infection in a marginalized population. **PLoS Negl Trop Dis**. 2020. Disponível em: DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008409>.

FREITAS, Carlos Machado; BARCELLOS, Christovan; VILLELA, Daniel Antunes Maciel; PORTELA, Margareth Crisóstomo; REIS, Lenice Costa; GUIMARÃES, Raphael Mendonça; XAVIER, Diego Ricardo; SALDANHA, Raphael Freitas; MEFANO, Isadora Vida. Covid-19 Fiocruz Observatory - an analysis of the evolution of the pandemic from February 2020 to April 2022. **Ciências & Saúde Coletiva**. 2023. Disponível em: DOI: 10.1590/1413-812320232810.10412023.

FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ – FIOCRUZ. Relatório Técnico de Atualização 19 - Rede Genômica FIOCRUZ 03 a 16 de junho de 2022. Brasília: 2022. Disponível em: www.genomahcov.fiocruz.br.

GANDHI, Monica; YOKOE, Deborah S; HAVLIR, Diane V. Asymptomatic Transmission, the Achilles' Heel of Current Strategies to Control COVID-19. **New England Journal of Medicine**. 2020. Disponível em: DOI: 10.1056/NEJMe2009758.

GIOVANETTI, Marta; SLAVOV, Svetoslav Nanev; FONSECA, Vagner; WILKINSON, Eduan; TEGALLY, Houriiyah; PATANÉ, José Salvatore Leister; VIALA, Vincent Louis; SAN, Emmanuel James; RODRIGUES, Evandra Strazza; SANTOS, Elaine Vieira; ABURJAILE, Flavia; XAVIER, Joilson; FRITSCH, Hegger; ADELINO, Talita Emile Ribeiro; PEREIRA, Felicidade; LEAL, Arabela; IANI, Felipe Campos de Melo; PEREIRA, Glauco de Carvalho; VAZQUEZ, Cynthia; SANABRIA, Gladys Mercedes Estigarribia; OLIVEIRA, Elaine Cristina; DERMARCHI, Luiz; CRODA, Julio; BEZERRA, Rafael dos Santos; COVAS, Dimas Tadeu. Genomic epidemiology of the SARS-CoV-2 epidemic in Brazil. **Nat Microbiol**. 2022. Disponível em: DOI: <https://doi.org/10.1038/s41564-022-01191-z>.

GIOVANETTI, Marta; BRANDA, Francisco; CELLA, Eleonora; SCARPA, Fábio; BAZZANI, Liliana; CICCOCCHI, Alessandra; SLAVOV, Svetoslav Nanev; BENVENUTO, Domenico; SANNA, Daria; CASU, Marco; SANTOS, Luciane Amorim; LAI, Alessia; ZEHENDER, Giangluglielmo; CACCURI, Francesca; IANNI, Andrea; CARUSO, Arnaldo; MAROUTTI, Antonello; PASCARELLA, Stefano; BORSETTI, Alessandra; CICCOCCHI, Massimo. Epidemic history and evolution of an emerging threat of international concern, the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2. **Journal of Medical Virology**. 2023. Disponível em: DOI: 10.1002/jmv.29012.

HAGAN, Liesl M; WILLIAMS, Samantha P; SPAULDING, Anne C; TOBLIN, Robin L; FIGLENSKI, Jessica; OCAMPO, Jeanne; ROSS, Tara; BAUER, Heidi;

HUTCHINSON, Justine; LUCAS, Kimberley D; ZAHN, Mateus; CHIANG, Chun; COLLINS, Timóteo; BURAKOFF, Alexis; BETTRIDGE, Juli; STRINGER, Gengibre; MAUL, Randolph; WATERS, Kristen; DEWART, Courtney; CLAYTON, Jennifer; DE FIJTER, Sietske; SADACHARAN, Radha; GARCIA, Linda; LOCKETT, Naomi; SHORT, Kirstin; SUNDER, Laxman; HANDANAGIC, Senad. Mass Testing for SARS-CoV-2 in 16 Prisons and Jails - Six Jurisdictions, United States, April-May 2020. **MMWR Morb Mortal Wkly Rep**. 2020. Disponível em: DOI: 10.15585/mmwr.mm6933a3.

HAN, Dongsheng; LI, Rui; HAN, Yanxi; ZHANG, Rui; LI, Jinming. COVID-19: Insight into the asymptomatic SARS-COV-2 infection and transmission. **Int J Biol Sci**. 2020. Disponível em: DOI: 10.7150/ijbs.48991.

HAO, Yian-Jiang; WANG, Yu-Lan; WANG, Mei-Yue; ZHOU, Lan; SHI, Jian-Yun; CAO, Ji-Min; WANG, De-Ping. The origins of COVID-19 pandemic: A brief overview. **Transbound Emerg Dis**. 2022. Disponível em: DOI: 10.1111/tbed.14732.

HERNANDO, Victoria; VÁZQUEZ, Isabel; DÍAZ, Assunção; GÓMEZ-PINTADO, Pilar; MARTÍNEZ-AZNAR, Carmem; ACÍN, Enrique. COVID-19 pandemic in prisons in Spain: characteristics of cases and implemented control measures, March 2020-June 2022. **PubMed Central Public**. 2023. Disponível em: DOI: 10.1016/j.puhe.2023.02.013.

HU, Zhiliang; SONG, Ci; XU, Chuanjun; JIN, Guangfu; CHEN, Yaling; XU, Xin; MA, Hongxia; CHEN, Wei; LIN, Yuan; ZHENG, Yishan; WANG, Jianming; HU, Zhibin; YI, Yongxiang; SHEN, Hongbing. Clinical characteristics of 24 asymptomatic infections with COVID-19 screened among close contacts in Nanjing, China. **Science China Life Sciences**. 2020. Disponível em: DOI: 10.1007/s11427-020-1661-4.

HUANG, Chaolin; WANG, Yeming; LI, Xingwang; REN, Lili; ZHAO, Jianping; HU, Yi; ZHANG, Li; FAN, Guohui; XU, Jiuyang; GU, Xiaoying; CHENG, Zhenshun; YU, Ting; XIA, Jiaan; WEI, Yuan; WU, Wenjuan; XIE, Xuelei; YIN, Wen; LI, Hui; LIU, Min; XIAO, Yan; GAO, Hong; GUO, Li; XIE, Jungang; WANG, Guangfa; JIANG, Rongmeng; GAO, Zhancheng; JIN, Qi; WANG, Jianwei; CAO, Bin. Clinical feature of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. **The Lancet**. 2020. Disponível em: DOI: 10.1016/S0140-6736(20)3018-5.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. Censo demográfico, 2022. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/sociais/trabalho/22827-censo-demografico-2022.html>. Acesso em: 20 de maio de 2023.

KISSLER, Stephen M; TEDIJANTO, Christine; GOLDSTEIN, Edward; GRAD, Yonatan H; LIPSITCH, Marc. Projecting the transmission dynamics of SARS-CoV-2 through the post pandemic period. **Science**. 2020. Disponível em: DOI: 10.1126/science.abb5793.

KWAN, Ada; SKLAR, Rachel; CAMERON, Drew B; SCHELL, Robert C; BERTOZZI, Stefano M; MCCOY, Sandra I; WILLIAMS, Brie; SEARS, David A. Respiratory pandemic preparedness learnings from the June 2020 COVID-19

outbreak at San Quentin California State Prison. **Int J Prison Health**. 2022. Disponível em: DOI: 10.1108/IJPH-12-2021-0116.

LAFERL, H; KELANI, H; SEITZ, T; HOLZER, B; ZIMPERNIK, I; STEINRIGL, A; SCHMOLL, F; WENISCH, C; ALLERBERGER, F. An approach to lifting self-isolation for health care workers with prolonged shedding of SARS-CoV-2 RNA. **Infection**. 2021. Disponível em: doi: 10.1007/s15010-020-01530-4.

LE, Thi Quynh Mai Le; TAKEMURA, Taichiro; MOIN, Meng Ling; NABESHIMA, Takeshi; NGUYEN, Le Khanh Hang; HOANG, Vu Mai Phuong; UNG, Thi Hong Trang; LE, Thi Thanh; NGUYEN, Vu Son; PHAM, Hong, Quynh Anh; DUONG, Tran Nhu; NGUYEN, Hai Tuan; NGU, Duy Nghia; NGUYEN, Cong Khanh; MORITA, Kouichi; HASEBE, Futoshi; DANG, Duch Anh. Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 shedding by travelers, Vietnam. **J Emerg Infect Dis**. 2020. Disponível em: DOI: 10.3201/eid2607.200591.

LI, Ruiyun; PEI, Sen; CHEN, Bin; SONG, Yimeng; ZHANG, Tao; YANG, Wan; SHAMAN, Jeffrey. Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV2). **Science**. 2020. Disponível em: DOI: 10.1126/science.abb3221.

MA, Qiuyue; LIU, Jue; LIU, Qiao; KANG, Liangyu; LIU, Runqing; JING, Wenzhan; WU, Yu, Liu, Min. Global Percentage of Asymptomatic SARS-CoV-2 Infections Among the Tested Population and Individuals With Confirmed COVID-19 Diagnosis: A Systematic Review and Meta-analysis. **JAMA Netw. Open**. 2021. Disponível em: DOI: 10.1001/jamanetworkopen.2021.37257.

MA, Xi; LU, Zhi-Yan; QU, Yan-Juan; XING, Li-Hong; ZHANG, Yu; LU, Yi-Bo; LI, Hong-Jun; LI, Li; YIN, Xiao-Ping; XU, Chuan-Jun. Differences in Clinical and Imaging Features between Asymptomatic and Symptomatic COVID-19 Patients. **Int J Clin Pract**. 2022. Disponível em: DOI: 10.1155/2022/4763953.

MALLOY, Giovanni S P; PUGLISI, Lisa; BRANDEAU, Margaret L; HARVEY, Tyler D; WANG, Emily A. Effectiveness of interventions to reduce COVID-19 transmission in a large urban jail: a model-based analysis. **BMJ Open**. 2021. Disponível em: DOI: 10.1136/bmjopen-2020-042898.

MATO GROSSO DO SUL. Agência Estadual de Administração do Sistema Penitenciário de Mato Grosso do Sul. AGEPEN/MS. Portaria Nº 47 sobre retomada das visitas presenciais. Diário Oficial Eletrônico n. 10.789, Mato Grosso do Sul, 29 de março de 2022. Disponível em: https://www.spdo.ms.gov.br/diariodoe/Index/Download/DO10789_29_03_2022. Acesso em: 20 de janeiro de 2023.

MATO GROSSO DO SUL. Secretaria de Estado de Saúde de Mato Grosso do Sul. SES/MS. Boletim Coronavírus 11 de 14 de março de 2020. Disponível em: <https://www.vs.saude.ms.gov.br/wp-content/uploads/2020/03/BOLETIM-CORONA-11-14-03-20-14h57.pdf>. Acesso em: 01 de julho de 2022.

MATO GROSSO DO SUL. Secretaria de Estado de Saúde de Mato Grosso do Sul. SES/MS. Decreto Nº 15.893 torna facultativo o uso de máscaras de proteção individual no território sul-mato-grossense. Diário Oficial Eletrônico n. 10.7774, Mato Grosso do Sul, 10 de março de 2022. Disponível em:

<https://www.spdo.ms.gov.br/diariodoe/Index/PaginaDocumento/47152/?Pagina=30>. Acesso em: 20 de janeiro de 2023.

MATO GROSSO DO SUL. Secretaria de Estado de Saúde de Mato Grosso do Sul. SES/MS. Boletim Coronavírus COVID-19 de 24 de janeiro de 2023.

Disponível em: <https://www.vs.saude.ms.gov.br/wp-content/uploads/2023/01/Boletim-Epidemiologico-COVID-19-2023.01.24.pdf>. Acesso em: 14 de fevereiro de 2024.

MATO GROSSO DO SUL. Secretaria de Estado de Saúde de Mato Grosso do Sul. SES/MS. Boletim Coronavírus COVID-19 de 14 de fevereiro de 2024.

Disponível em: <https://www.vs.saude.ms.gov.br/wp-content/uploads/2024/02/Boletim-Epidemiologico-COVID-19-2024.06.pdf>
Acesso em: 14 de fevereiro de 2024.

MAZIERO, Livia de Mello Almeida; GIOVANETTI, Marta; FONSECA, Vagner; ZARDIN, Marina Castilhos Souza Umaki; LICHES, Gislene Garcia de Castro; ROMERA, Grazielli Rocha de Rezende; TSUHA, Daniel Henrique; FRIAS, Danila Fernanda Rodrigues; ESCANDOLHERO, Valdir Castanho; DEMARCHI, Luiz Henrique; CASTILHO, Larissa Domingues; BARBOSA, Karine Ferreira; TEBET, Danielle Galindo Martins; XAVIER, Joilson; FRITSCH, Hegger; LIMA, Mauricio; DE OLIVEIRA, Carla; SANTOS, Elaine, Vieira; KASHIMA, Simone; SAID, Rodrigo Fabiano do Carmo; ROSEWELL, Alexander; CRODA, Julio Henrique; ALCANTARA, Luiz Carlos Junior; CAVALHEIRO, Christinne Maymone Gonçalves. Unveiling the Impact of the Omicron Variant: Insights from Genomic Surveillance in Mato Grosso do Sul, Midwest Brazil. **Viruses**. 2023. Disponível em: DOI: 10.3390/v15071604.

MINH, Bui Quang; SCHMIDT, Heiko A; CHERNOMOR, Olga; SCHREMPF, Dominik; WOODHAMS, Michael D; HAESELER, Arndt Von; LANFEAR, Robert. IQ-TREE 2: New Models and Efficient Methods for Phylogenetic Inference in the Genomic Era. **Mol Biol Evol**. 2020. Disponível em: DOI: 10.1093/molbev/msaa015.

MOSHIRI, Niema. ViralMSA: massively scalable reference-guided multiple sequence alignment of viral genomes. **Bioinformatics**. 2021. Disponível em: DOI: 10.1093/bioinformatics/btaa743.

NJUGUNA, Henry; WALLACE, Megan; SIMONSON, Sean; TOBOLOWSKY, Farrel A; JAMES, Allisson E; BORDELON, Keith; FUKUNAGA, Rena; GOLD, Jeremy A W; WORTHAM, Jonathan; SOKOL, Theresa; HAYDEL, Danielle; TRAN, Há; KIM, Kaylee; FISHER, Kiva A; MARLOW, Mariel; TATE, Jacqueline E; DOSHI, Reena H; CURRAN, Kathryn G. Serial Laboratory Testing for SARS-CoV-2 Infection Among Incarcerated and Detained Persons in a Correctional and Detention Facility - Louisiana, April-May 2020. **MMWR Morb Mortal Wkly Rep**. 2020. Disponível em: DOI: 10.15585/mmwr.mm6926e2.

OLIVEIRA, Wanderson Kleber; DUARTE, Elisete; FRANÇA, Giovanny Vinícius Araújo; GARCIA, Leila Posenato. How Brazil can hold back COVID-19. **Epidemiol. Serv. Saúde**. 2020. Disponível em: DOI: 10.5123/S1679-49742020000200023.

ORAN, Daniel P; TOPOL, Eric J. Prevalence of Asymptomatic SARSCoV-2 Infection: A Narrative Review. **Ann Intern Med**. 2020. Disponível em: DOI: 10.7326/M20-3012.

ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE - OPAS. Rastreamento de contatos no contexto da COVID-19. 2021. Disponível em: https://iris.paho.org/bitstream/handle/10665.2/53893/OPASWBRAPHECOVID-19210017_por.pdf?sequence=1&isAllowed=y. Acesso em: 20 de maio de 2022.

RAMBAUT, André; HOLMES, Edward C; TOOLE, Áine O'; VERDADE, Colina; MCCRONE, John T; RUIS, Cristóvão; PLESSIS, Louis; Pybus, Oliver G. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. **Nat Microbiol**. 2020. Disponível em: DOI: 10.1038/s41564-020-0770-5.

RANE, Madhura, S; ROBERTSON, Mckaylee, M; KULKARNI, Sarah, G; FROGEL, Daniel; GAINUS, Chris; NASH, Denis. Effectiveness of COVID-19 vaccines against symptomatic and asymptomatic SARS-CoV-2 infections in an urgent care setting. **Vaccine**. 2023. Disponível em: DOI: 10.1016/j.vaccine.2022.12.039.

REINHART, Eric; CHEN, Daniel L. Incarceration and its disseminations: COVID-19 pandemic lessons from Chicago's cook county jail. **Health Affairs**. 2020. Disponível em: DOI: <https://doi.org/10.1377/hlthaff.2020.00652>.

SAGULENKO, Pavel; PULLER, Vadim; NEHER, Richard A. TreeTime: Maximum-likelihood phylodynamic analysis. **Virus Evol**. 2018. Disponível em: DOI: 10.1093/ve/vex042.

SÁNCHEZ, Alexandra; SIMAS, Luciana; DIUANA, Vilma; LAUROZE, Bernard. COVID-19 in prisons: an impossible challenge for public health? **Cad. Saúde Pública** **36 (5)**. 2020. Disponível em: DOI: <https://doi.org/10.1590/0102-311X00083520>.

SHEN, Jiale; KONG, Meng; DONG, Bing; BIRNKRANT, Michael J; ZHANG, Jianshun. A systematic approach to estimating the effectiveness of multi-scale IAQ strategies for reducing the risk of airborne infection of SARS-CoV-2. **Build Environ**. 2021. Disponível em: DOI: 10.1016/j.buildenv.2021.107926.

SLAVOV, Svetoslav N; LIMA, Alex R J; RIBEIRO, Gabriela; DE LIMA, Loyze, P, O; BARROS, Claudia R D S; MARQUEZE, Elaine C; MARTINS Antonio J; MARTININGHI, Maiara; PALMIERI, Melissa; CALDEIRA, Luiz A V; SILVA, Fabiana E V D; CACHERIK, Giselle; NICLODELLI, Aline L; KASHIMA, Simone; GIOVANETTI, Marta; ALCANTARA, Luiz Carlos Junior; SAMPAIO, Sandra C; ELIAS, Maria C. Epidemiological and Genomic Analysis of Asymptomatic SARS-CoV-2 Infections during the Delta and Omicron Epidemic Waves in São Paulo City, Brazil. **Viruses**. 2023. Disponível em: doi: 10.3390/v15112210.

SUHOMLINOVA, Olga; COLLEEN, Tammy Ayres; TONKIN, Matthew James; O' REILLY Michelle; WERTANS, Emily; O'SHEA, Saoirse Caitlin. Locked up While Locked Down: Prisoners' Experiences of the COVID-19 Pandemic. **The**

British Journal of Criminology. 2022. Disponível em:
DOI: <https://doi.org/10.1093/bjc/azab060>.

TIAN, Dandan; SUN, Yanhong; XU, Huihong; YE, Qing. The emergence and epidemic characteristics of the highly mutated SARS-CoV-2 Ômicron variant. **J Med Virol.** 2022. Disponível em: DOI: 10.1002/jmv.27643.

VILSKER, Michael; MOOSA, Yumna; NOOIJ, Sam; FONSECA, Vagner; GHYSENS, Yoika; DUMON, Korneel; PAUWELS, Raf; ALCANTARA, Luiz Carlos; EYNDEN, Ewout, Vanden; VANDAMME, Anne-Mieke; DEFORCHE, Koen; DE OLIVEIRA, Tulio. Genome Detective: an automated system for virus identification from high-throughput sequencing data. **Bioinformatics.** 2019. Disponível em: DOI: 10.1093/bioinformatics/bty695.

VUSIRIKALA, Amoolya; FLANNAGAN, Joe; CZACHOROWSKI, Maciej; ZAIDI, Asad; TWOHIG, Kate A; PLUGGE, Emma; ELLABY, Nicholas; RICE, Wendy; DABRERA, Gavin; CHUDASAMA, Dimple Y; LAMAGNI, Theresa. Impact of SARS-CoV-2 Alpha variant (B.1.1.7) on prisons, England. **Public Health.** 2022. Disponível em: DOI: 10.1016/j.puhe.2021.12.018.

ZHANG, Yong-Zhen; HOLMES, Edward C. A Genomic Perspective on the Origin and Emergence of SARS-CoV-2. **Cell.** 2020. Disponível em: DOI: 10.1016/j.cell.2020.03.035.

ZHU, Na; ZHANG, Dingyu; WANG, Wenling; LI, Xingwang; YANG, Bo; SONG, Jingdong; ZHAO, Xiang; HUANG, Baoying; SHI, Weifeng; LU, Roujian; NIU, Peihua; ZHAN, Faxian; MA, Xuejun; WANG, Dayan; XU, Wenbo; WU, Guizhen; GAO, George F; TAN, Wenjie. **N Engl J Med.** 2020. Disponível em: DOI: 10.1056/NEJMoa2001017.

ZUIN, Marco; GENTILI, Valentina; CERVELLATI, Carlo; RIZZO, Roberta; ZULIANI, Giovanni. Viral Load Difference between Symptomatic and Asymptomatic COVID-19 Patients: Systematic Review and Meta-Analysis. **Infect Dis Rep.** 2021. Disponível em: DOI: 10.3390/idr13030061.

YANES-LANE, Mercedes; WINTERS, Nicholas; FREGONESE, Federica; BASTOS, Mayara; ARROW-PERLMAN, Sara; CAMPBELL, Jonathon R; MENZIES, Dick. Proportion of Asymptomatic Infection among COVID-19 Positive Persons and Their Transmission Potential: A Systematic Review and Meta-analysis. **PLoS One.** 2020. Disponível em: DOI: 10.1371/journal.pone.0241536.

YU, Xingxia; YANG, Rongrong. COVID-19 transmission through asymptomatic carriers is a challenge to containment. **Influenza Other Respir Viruses.** 2020. Disponível em: DOI: 10.1111/irv.12743.

YU, Weien; GUO, Yifei; ZHANG, Shenyan; KONG, Yide; SHEN, Zhongliang; ZHANG, Jiming. Proportion of asymptomatic infection and nonsevere disease caused by SARS-CoV-2 Ômicron variant: A systematic review and analysis. **J Med Virol.** 2022. Disponível em: DOI: 10.1002/jmv.28066.

YUKI, Koichi; FUJIOGI, Miho; KOUTSOGIANNAKI, Sophia. COVID-19 pathophysiology: A review. **Clin Immunol.** 2020. Disponível em: DOI: 10.1016/j.clim.2020.108427.

WHO. World Health Organization. Critical preparedness, readiness and response actions for COVID-19 (Interim Guidance). 2019. Disponível em: <https://www.who.int/publications-detail/critical-preparedness-readiness-and-response-actions-for-COVID-19>. Acesso em 01 de julho de 2022.

WHO. World Health Organization. Coronavirus disease 2019 (COVID-19) situation report–34. Geneva, 2020. Disponível em: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200223-sitrep-34-COVID-19.pdf?sfvrsn=44ff8fd3_2. Acesso em 14 de abril de 2023.

WHO. World Health Organization. Contact tracing in the context of COVID-19. Interim guidance. 2020a. Disponível em: <https://www.euro.who.int/en/health-topics/health-emergencies/coronavirus-covid-19/publications-and-technical-guidance/epidemiology-and-surveillance/contact-tracing-in-the-context-of-covid-19-interim-guidance-10-may-2020>. Acesso em 10 de agosto de 2022.

WHO. World Health Organization. Regional Office for Europe. Preparedness, prevention and control of COVID-19 in prisons and other places of detention. Interim guidance; 15 March 2020. Disponível em: http://www.euro.who.int/data/assets/pdf_file/0019/434026/Preparedness-prevention-and-control-of-COVID-19-in-prisons.pdf?ua=1. Acesso em 14 de Abril de 2023.

WHO. World Health Organization. COVID-19 strategy update. 2021. Disponível em: <https://www.who.int/publications/m/item/COVID-19-strategy-update>. Acesso em 01 de julho de 2022.

WHO. World Health Organization. Classificação de Ômicron (B.1.1.529): Variante de preocupação do SARS-CoV-2. 26 de novembro de 2021. Disponível em: [https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-Ômicron-\(b.1.1.529\)-sars-cov-2-variant-of-concern](https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-Ômicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern). Acesso em 01 de julho de 2022.

WHO. World Health Organization. Declaração sobre a sublinhagem Ômicron BA.2 22 de fevereiro de 2022. Disponível em: <https://www.who.int/news/item/22-02-2022-statement-on-Ômicron-sublineage-ba.2>. Acesso em 01 de julho de 2023.

WHO. World Health Organization. Declaração sobre a atualização das definições de trabalho e do sistema de rastreamento da OMS para variantes preocupantes e variantes de interesse do SARS-CoV-2. 16 de março de 2023. Disponível em: <https://www.who.int/news/item/16-03-2023-statement-on-the-update-of-who-s-working-definitions-and-tracking-system-for-sars-cov-2-variants-of-concern-and-variants-of-interest>. Acesso em 01 de julho de 2023.

WORLD PRISON BRIEF. Disponível em: <https://www.prisonstudies.org/country/brazil>. Acesso em 15 de setembro de 2023.

APÊNDICE A – TERMO DE CONSENTIMENTO LIVRE E ESCLARECIDO (TCLE)

Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE)

Área: SARS-CoV-2

Paciente: Intervenção

ViGeCoV2: Núcleo de vigilância genômica em tempo real do SARS-CoV-2 no Brasil

☐ **Vacinado:** Especificar vacina: _____

☐ **NÃO Vacinado**

Se vacinado, ☐ 1º dose, ☐ 2º dose, ☐ 1º dose reforço (terceira dose), ☐ 2º dose reforço (quarta dose)

Fabricante: _____

Você está convidado a participar de um estudo de pesquisa sobre doenças virais em humanos conduzido pela Universidade Federal de Minas Gerais, pelos Laboratório de Saúde Pública e pelas Secretarias de Saúde estaduais, em conjunto com a Universidade de Washington – EUA e Organização Pan-americana de Saúde (OPAS). A equipe de estudo e a Universidade de Washington está recebendo apoio financeiro do National Institutes of Health (NIH) para melhor compreensão sobre a natureza do vírus SARS-CoV-2 e para possível desenvolvimento de novas formas de diagnóstico viral, assim como, para o desenvolvimento de medidas de prevenção de novos surtos virais.

Informações básicas:

Você está sendo solicitado a fornecer algumas amostras biológicas, dependendo do seu estado de saúde. Para participar, você deverá responder uma série de perguntas sobre a presença ou não de sintomas e seu histórico médico, bem como se submeter a uma coleta de swab nasofaríngeo para pesquisa de SARS-CoV-2. Essas amostras serão usadas para rastrear e monitorar a circulação de novas variantes, além de gerar dados genômicos e fenotípicos relevantes para o vírus e a resposta do corpo humano a ele.

Caso haja interesse em participar do projeto, o recrutador fará a leitura do termo de consentimento livre e esclarecido (TCLE) e do questionário de perguntas relacionados aos seus dados clínicos e sócio-demográficos. Nesse momento, todas as suas dúvidas sobre o projeto e sua participação serão respondidas e será coletada a sua assinatura de concordância. A partir da assinatura do termo de consentimento livre e esclarecido, você concorda com o fornecimento de amostra biológica de acordo com a sua classificação em SINTOMÁTICO ou ASSINTOMÁTICO.

Com base no seu estado de saúde, pedimos que participe do projeto, compondo:

☐ **Participante ASSINTOMÁTICO** (ausência de qualquer sintoma relacionado a alergia ou infecções por vírus respiratórios)

☐ **Participante SINTOMÁTICO** (febre, dor, coriza, rinite, espirros, ausência de olfato ou paladar ou outros sintomas). Especifique: _____

Pesquisador responsável:



Participante voluntário: _____

Serão realizadas coletas únicas em parceria com os laboratórios centrais de saúde pública (LACENs), hemocentro e secretarias de saúde. Para coletas únicas, o procedimento será realizado logo após o recrutamento pela equipe de atendimento, não necessitando deslocamento adicional.

A participação não é obrigatória e você pode interromper a participação no estudo a qualquer momento que desejar.

Confidencialidade de dados:

Sua participação nesta pesquisa será totalmente confidencial e suas respostas serão agrupadas com outros participantes. O seu nome será substituído por um número de estudo confidencial que será usado para identificar os resultados do questionário e para identificar a amostra que você fornecer. Não manteremos as respostas e os espécimes que você fornecer e elas não serão usadas para estudos futuros, sendo os mesmos descartados após as análises.

Compartilhamento de dados genômicos:

Nesse estudo serão obtidas sequências nucleotídicas do vírus SARS-CoV-2 circulantes em indivíduos sintomáticos e assintomáticos para a infecção por este vírus. Para análise dos dados finais, contaremos com a parceria da instituição Universidade de Washington (EUA). Ressaltamos que as amostras e dados resultantes das mesmas serão processados e analisados no Brasil e as amostras serão imediatamente descartadas, por incineração, após as análises. O National Institutes of Health (NIH) nos Estados Unidos desenvolveu bancos de dados (informações) que coletam dados de estudos. O NIH armazenará suas informações não identificadas deste estudo nesses bancos de dados para que outros pesquisadores as usem em estudos futuros sobre qualquer tópico. Os pesquisadores podem ser de instituições governamentais, acadêmicas ou comerciais. As informações deste estudo serão armazenadas em um banco de dados público e irrestrito que qualquer pessoa pode usar. Essas informações públicas não incluirão seu nome ou outras informações que possam identificá-lo. As informações armazenadas pelo NIH incluem aquelas associadas ao histórico médico dos participantes do estudo.

Riscos e benefícios:

Riscos: Riscos: Existe um risco mínimo de perda da confidencialidade dos dados e a confidencialidade não pode ser totalmente garantida. Todo cuidado será tomado para garantir que suas respostas sejam armazenadas com segurança e mantidas separadas de qualquer informação de identificação. Pode ser possível re-identificar seus dados e isso poderia ser usado para discriminar ou estigmatizar os participantes, embora seja improvável que isso aconteça. Também pode haver riscos desconhecidos associados à re-identificação de dados. A Food and Drug Administration (FDA) dos EUA se reserva o direito de revisar os dados do estudo que podem conter informações de identificação. Um esfregaço (swab) nasal de concha média apresenta poucos riscos. Você pode sentir um pequeno desconforto, mas não deve sentir nenhuma dor.

Pesquisador responsável:



Participante voluntário: _____

Benefícios: Não há benefício direto para você em participar deste estudo, no entanto, o conhecimento científico obtido pode ajudar a melhorar a compreensão sobre a infecção viral, sobre o surgimento e dispersão de novas linhagens virais, sobre o diagnóstico de indivíduos sintomáticos e assintomáticos que podem contribuir para a propagação e manutenção da epidemia, bem como prever melhor quando e onde um surto futuro pode ocorrer. É possível que as ferramentas de diagnóstico desenvolvidas com os as amostras que coletamos como parte desta pesquisa possam ser usadas para lucro comercial. Não há planos de compartilhar esse lucro com você.

Informações de Contato:

Se você tiver alguma dúvida sobre este projeto, pode entrar em contato com o pesquisador responsável Dr. Luiz Carlos Junior Alcantara pelo telefone (31) 99397-1962 ou e-mail luiz.alcantara@ioc.fiocruz.br. Se você tiver dúvidas sobre seus direitos como sujeito de pesquisa, ou se achar que foi prejudicado por participar deste estudo, pode entrar em contato com o Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade Federal de Minas Gerais (CEP-UFMG) pelo e-mail coep@prpq.ufmg.br ou através do telefone (31) 3409-4592. Se você se ferir como resultado da participação neste estudo, tratamento médico pode ser procurado no hospital em que está sendo atendido. A Universidade Federal de Minas Gerais normalmente não oferece compensação por danos ocasionados ao decorrer dos projetos de pesquisa. No entanto, segundo a Resolução do Conselho Nacional de Saúde 466/12. V.7 prevê que os participantes da pesquisa que vierem a sofrer qualquer tipo de dano resultante de sua participação, previsto ou não no Termo de Consentimento Livre e Esclarecido, têm direito à indenização, por parte do pesquisador, do patrocinador e das instituições envolvidas nas diferentes fases da pesquisa. Você não renuncia a qualquer direito de buscar pagamento ao assinar este termo de consentimento. Forneceremos uma via deste Termo de Consentimento Livre e Esclarecido para seus registros.

Autorização de Participação

Eu li as informações acima ou elas foram lidas para mim. Tive a oportunidade de fazer perguntas sobre isso. Minhas perguntas foram respondidas de forma satisfatória. Certifico que atendo os critérios para participar deste estudo.

Autorizo a coleta de amostra de swab nasal, assim como também autorizo que essas amostras anonimizadas sejam armazenadas provisoriamente nos centros participantes a -20° C e transportadas até o local de execução dos experimentos, onde serão acondicionadas num ultrafreezer, destinado para este projeto de pesquisa. Autorizo o posterior descarte das amostras remanescentes, por incineração, não devendo ser armazenadas para outros estudos futuros sem um novo consentimento. Ao assinar abaixo, indico minha disposição em participar voluntariamente do estudo:

Nome: _____ Assinatura: _____ Data: _____

APÊNDICE B – FORMULÁRIO DA PESQUISA

FORMULÁRIO DA PESQUISA 1.1 – SARS-CoV-2 PROJETO: “ViGeCov²: Núcleo de vigilância genômica em tempo real do SARS-CoV-2 no Brasil”.

ESTRATÉGIA E LOCAL DE REALIZAÇÃO DA TESTAGEM

☒ Busca ativa

☒ Unidade Prisional: Gameleira __

1. DADOS DE IDENTIFICAÇÃO DO PARTICIPANTE

Nome completo: _____ Idade: _____

CPF/Identidade: _____ Data de Nascimento: ____/____/____ Sexo: ☒ Masculino

Bairro de Residência: _____ Cidade: _____

2. DADOS CLÍNICOS - SINTOMAS ☐ Assintomático ☐ Sintomático - (Preencher sintomas abaixo)

☐ Febre, ☐ Tosse, ☐ Dispnéia (falta de ar), ☐ Dor de Garganta, ☐ Mialgia, ☐ Náuseas, ☐ Vômitos,
☐ Hiposmia (perda de olfato), ☐ Cefaleia (dor de cabeça), ☐ Artralgia, ☐ Diarreia, ☐ Conjuntivite,
☐ Dor retro-orbitária, ☐ Manifestação cutânea, ☐ Prostração, ☐ Sangramento - Especificar: _____
☐ Outros especificar: _____

3. FEZ USO DE MEDICAÇÃO: ☐ Sim - Se sim, qual? _____ ☐ Não

4. ANTECEDENTES FAMILIARES:

Diabetes: ☐ Sim ☐ Não

Doença cardiovascular crônica: ☐ Sim ☐ Não

Obesidade: ☐ Sim ☐ Não

5. COMORBIDADES

☐ Diabetes tipo 1, ☐ Diabetes tipo 2, ☐ Cardiopatias, ☐ Doença Renal, ☐ Síndrome de Down, ☐ Doença Hematológica, ☐ Doença Hepática, ☐ Obesidade, ☐ Imunodeficiência, ☐ Doença Neurológica, ☐ Doença Pulmonar, ☐ Asma, ☐ Tuberculose (TB), ☐ Outras comorbidades, especificar: _____

6. ESTÁ FAZENDO TRATAMENTO DE TB: ☐ Sim ☐ Não

7. JÁ FEZ TRATAMENTO ANTERIOR DE TB? Se sim, que ano: _____

8. FAZ USO DE MEDICAÇÃO DE USO CONTÍNUO:

☐ Sim - Se sim, qual? _____ ☐ Não

9. TEVE COVID-19: ☐ Sim, Se sim, quando? ____/____/____ ☐ Não

Se sim, necessitou de internação? ☐ Leito clínico ☐ Leito de unidade de Terapia Intensiva

Quantos dias de internação? _____

Ficou com algum sintoma Pós-covid-19?

☐ Cansaço, ☐ Dificuldade para respirar, ☐ Tosse seca e intensa, ☐ Palpitações, ☐ Choque/formigamento, ☐ Sonolência, ☐ Medo, ☐ Ansiedade, ☐ Esquecimento, ☐ Dificuldade para dormir, ☐ Dificuldade para prestar atenção, ☐ Fraqueza, ☐ Esquecimento, ☐ Cansaço intenso, ☐ Atrofia nos músculos, ☐ Inchaço, ☐ Diarreia ou intestino preso, ☐ Dificuldade para sentir cheiro, ☐ Dificuldade para sentir gosto, ☐ Outras comorbidades, especificar: _____

10. DADOS SÓCIO-DEMOGRÁFICOS

Cor da pele (autoreferida): ☐ Branca, ☐ Indígena, ☐ Parda, ☐ Preta, ☐ Sem declaração

Estado civil: ☐ Solteiro, ☐ Casado, ☐ Viúvo, ☐ Divorciado, ☐ União Estável

Escolaridade: ☐ Não informado, ☐ Ensino Fundamental Incompleto, ☐ Ensino Fundamental Completo, ☐ Ensino Médio Incompleto, ☐ Ensino Médio Completo, ☐ Nível superior incompleto, ☐ Nível superior completo, ☐ Pós-Graduação

Renda familiar: ☐ Menos de 1 salário mínimo, ☐ 1 a 2 salários mínimos, ☐ 3 a 4 salários mínimos, ☐ Mais de 4 salários mínimos, ☐ Não informado

11. RECEBEU VACINA COVID-19: ☐ Sim ☐ Não

Se sim,

1ª Dose: ____/____/____; Fabricante: ☐ Astrazeneca ☐ Coronavac ☐ Janssen ☐ Pfizer
 2ª Dose: ____/____/____; Fabricante: ☐ Astrazeneca ☐ Coronavac ☐ Janssen ☐ Pfizer
 3ª Dose: ____/____/____; Fabricante: ☐ Astrazeneca ☐ Coronavac ☐ Janssen ☐ Pfizer
 4ª Dose: ____/____/____; Fabricante: ☐ Astrazeneca ☐ Coronavac ☐ Janssen ☐ Pfizer

DATA DA COLETA: ____/____/2022.

OBSERVAÇÕES PERTINENTES:

ANEXO A – FICHA DE NOTIFICAÇÃO DE SÍNDROME GRIPAL – SG SUSPEITO DE DOENÇA PELO NOVO CORONAVÍRUS 2019 – COVID-19 (B34.2) DO SINAN



MINISTÉRIO DA SAÚDE
SECRETARIA DE VIGILÂNCIA EM SAÚDE

Nº

FICHA DE NOTIFICAÇÃO DE SG SUSPEITO DE DOENÇA PELO CORONAVÍRUS 2019 – COVID-19 (B34.2)

Definição de caso: indivíduo com quadro respiratório agudo, caracterizado por pelo menos dois (2) dos seguintes sinais e sintomas: febre (mesmo que referida), calafrios, dor de garganta, dor de cabeça, tosse, coriza, distúrbios olfativos ou distúrbios gustativos.

Em crianças: além dos itens anteriores considera-se também obstrução nasal, na ausência de outro diagnóstico específico.

Em idosos: deve-se considerar também critérios específicos de agravamento como síncope, confusão mental, sonolência excessiva, irritabilidade e inapetência.

Observação: Na suspeita de COVID-19, a febre pode estar ausente e sintomas gastrointestinais (diarreia) podem estar presentes.

IDENTIFICAÇÃO			
Município de Notificação:		UF de notificação:	
Data da Notificação:			
Tem CPF? (Marcar X)	Estrangeiro: (Marcar X)	Profissional de saúde: (Marcar X)	Profissional de segurança: (Marcar X)
Sim Não	Sim Não	Sim Não	Sim Não
CPF:	CNS:	Passaporte:	
Ocupação (CBO):			
Nome Completo:			
Nome Completo da Mãe:			
Data de nascimento:		País de origem:	
Sexo: (Marcar X)	Raça/Cor:	Amarela Parda Ignorado	
Masculino Feminino	(Marcar X) Indígena	Se indígena, informar etnia:	
É membro de povo ou comunidade tradicional? (Marcar X) Sim Não Se sim, qual?			
Estado de residência:		Município de Residência:	
CEP: -			
Logradouro:		Número:	
Complemento:		Bairro:	
Telefone 1:		Telefone 2:	
E-mail:			

ESTRATÉGIA E LOCAL DE REALIZAÇÃO DA TESTAGEM			
Estratégia: (Marcar X)	Diagnóstico assistencial (sintomático)	Busca ativa de assintomático	Triagem de população específica
Se busca ativa de assintomático: (Marcar X)	Investigação de surtos	Se triagem de população específica: (Marcar X)	Trabalhadores de serviços essenciais ou estratégicos
Monitoramento de viajantes com risco de VOC (quarentena)	Profissionais de saúde	Gestantes e puérperas	Povos e comunidades tradicionais
Outro:	Outro:		
Local de realização da testagem: (Marcar X)	Serviço de saúde (UBS, hospital, UPA etc.)	Local de trabalho	Aeroporto
Farmácia ou drogaria	Escola	Domicílio ou comunidade	Outro:

DADOS CLÍNICOS EPIDEMIOLÓGICOS					
Sintomas: (Marcar X)					
Assintomático	Febre	Dor de Garganta	Dispneia	Tosse	
Coriza	Dor de Cabeça	Distúrbios gustativos	Distúrbios olfativos	Outros	
Data do início dos sintomas:					
Condições: (Marcar X)					
Doenças respiratórias crônicas descompensadas	Doenças cardíacas crônicas	Diabetes			
Doenças renais crônicas em estágio avançado (graus 3, 4 e 5)	Puérpera (até 45 dias do parto)	Gestante			
Portador de doenças cromossômicas ou estado de fragilidade imunológica	Imunossupressão	Obesidade			
Campos preenchidos automaticamente pelo sistema:					
Recebeu vacina Covid-19? (Marcar X)	Se recebeu vacina Covid-19, informar:	Dose	Data da vacinação	Laboratório produtor da vacina	Lote da vacina
Sim Não		1ª dose			
		2ª dose			
		Reforço			
		2ª dose reforço			
Recebeu tratamento para Covid-19? (Marcar X)		Qual antiviral: (Marcar X)			
Sim Não Ignorado		Nirmatrevir/Ritonavir Baricitinibe Outros, especifique:			
Data do início do tratamento:					

EXAMES LABORATORIAIS					
Tipo de teste	Estado do teste		Data da coleta	Resultado	
RT-PCR	Solicitado	Coletado		Não detectável	Detectável
	Concluído	Não Solicitado		Inconclusivo ou Indeterminado	
RT-LAMP	Solicitado	Coletado		Não detectável	Detectável
	Concluído	Não Solicitado		Inconclusivo ou Indeterminado	
Teste sorológico IgA	Solicitado	Coletado		Não reagente	Reagente
	Concluído	Não Solicitado		Inconclusivo ou Indeterminado	
Teste sorológico IgM	Solicitado	Coletado		Não reagente	Reagente
	Concluído	Não Solicitado		Inconclusivo ou Indeterminado	
Teste sorológico IgG	Solicitado	Coletado		Não reagente	Reagente
	Concluído	Não Solicitado		Inconclusivo ou Indeterminado	
Teste sorológico – anticorpos totais	Solicitado	Coletado		Não reagente	Reagente
	Concluído	Não Solicitado		Inconclusivo ou Indeterminado	
Teste rápido de anticorpo IgM	Solicitado	Coletado		Não reagente	Reagente
	Concluído	Não Solicitado		Inconclusivo ou Indeterminado	
Teste rápido de anticorpo IgG	Solicitado	Coletado		Não reagente	Reagente
	Concluído	Não Solicitado		Inconclusivo ou Indeterminado	

e-SUS Notifica – FICHA DE NOTIFICAÇÃO DE COVID-19 COM RASTREAMENTO DE CONTATOS

ANEXO B – PARECER CONSUBSTANCIADO DO CEP DA UFMG

UNIVERSIDADE FEDERAL DE
MINAS GERAIS



PARECER CONSUBSTANCIADO DO CEP

DADOS DA EMENDA

Título da Pesquisa: ViGeCoV2: Núcleo de vigilância genômica em tempo real do SARS-CoV-2 no Brasil

Pesquisador: Luiz Carlos Júnior Alcântara

Área Temática:

Versão: 5

CAAE: 32912820.6.1001.5149

Instituição Proponente: UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS

Patrocinador Principal: Financiamento Próprio

DADOS DO PARECER

Número do Parecer: 4.504.785

Apresentação do Projeto:

Trata-se de EMENDA ao projeto de pesquisa que previa, em sua versão original, investigar a dinâmica de dispersão em tempo real do SARS-CoV-2 nos estados de Minas Gerais (Sudeste), Mato Grosso (CentroOeste), Pernambuco e Bahia (Nordeste). Diante do contexto da epidemia COVID-19, os pesquisadores justificaram a necessidade da geração em tempo real de dados genômicos do SARS-CoV-2 para possibilitar o acompanhamento da dinâmica de dispersão viral e, portanto, subsidiar o desenvolvimento de ações

estratégicas no sistema de saúde pública, formando um núcleo de vigilância genômica em tempo real do SARS-CoV-2 no Brasil.

A EMENDA prevê a ampliação de objetivos para investigação de arboviroses. Conforme os pesquisadores apontam no protocolo com proposta de EMENDA, as arboviroses apresentam manifestações severas que podem ser facilmente confundidas com as da COVID-19, tais como distúrbios hemodinâmicos (hemorragias e permeabilidade capilar anormal), cardiológicos (miocardiopatias e falência hepática), desordens neurológicas (meningo-encefalites, mielites, mieloneuropatias, síndrome de Guillan-Barre (GBS) e encefalites). As arboviroses constituem um cenário alarmante de saúde pública no Brasil, notificando até a 22ª semana epidemiológica de 2020, mais de 800 mil casos. Embora ocorra emergência constante de surtos e intensa exposição da população, a distribuição de casos severos e óbitos notificados até o momento apresentou uma redução em comparação ao obtido em 2019,

Endereço: Av. Presidente Antônio Carlos, 6627 2º Adm II 2005

Bairro: Unidade Administrativa II

CEP: 31.270-901

UF: MG

Município: BELO HORIZONTE

Telefone: (31)3409-4592

E-mail: coep@prpq.ufmg.br

UNIVERSIDADE FEDERAL DE
MINAS GERAIS



Continuação do Parecer: 4.504.785

Outros	FORM_PESQUISA_ARBO_EQUIP.pdf	17:40:03	Alcântara	Aceito
Outros	FORM_PESQUISA_SARS_PAC.pdf	09/11/2020 17:39:29	Luiz Carlos Júnior Alcântara	Aceito
Outros	FORM_PESQUISA_SARS_EQUIP.pdf	09/11/2020 17:38:53	Luiz Carlos Júnior Alcântara	Aceito
TCLE / Termos de Assentimento / Justificativa de Ausência	TCLE_SARS_ARBO_EM_nov_2020.pdf	09/11/2020 17:38:08	Luiz Carlos Júnior Alcântara	Aceito
Outros	Carta_Resposta_pendencias.pdf	02/07/2020 14:59:31	Luiz Carlos Júnior Alcântara	Aceito
Outros	TCUDs.pdf	02/07/2020 14:59:02	Luiz Carlos Júnior Alcântara	Aceito
Projeto Detalhado / Brochura Investigador	projeto_detalhado_v2_julho2020.pdf	02/07/2020 14:50:42	Luiz Carlos Júnior Alcântara	Aceito
Parecer Anterior	parecer_final.pdf	02/06/2020 13:19:24	JOILSON XAVIER DOS SANTOS JUNIOR	Aceito
Projeto Detalhado / Brochura Investigador	projeto.pdf	01/06/2020 14:08:47	JOILSON XAVIER DOS SANTOS JUNIOR	Aceito
TCLE / Termos de Assentimento / Justificativa de Ausência	justificativa_TCLE.pdf	26/05/2020 10:31:36	JOILSON XAVIER DOS SANTOS JUNIOR	Aceito
Folha de Rosto	folhaderosto.pdf	26/05/2020 10:30:47	JOILSON XAVIER DOS SANTOS JUNIOR	Aceito

Situação do Parecer:

Aprovado

Necessita Apreciação da CONEP:

Não

BELO HORIZONTE, 20 de Janeiro de 2021

Assinado por:
Corinne Davis Rodrigues
(Coordenador(a))

Endereço: Av. Presidente Antônio Carlos, 6627 2º Ad Sl 2005
Bairro: Unidade Administrativa II CEP: 31.270-901
UF: MG Município: BELO HORIZONTE
Telefone: (31)3409-4592 E-mail: coep@prpq.ufmg.br

ANEXO C – CARTA DE ANUÊNCIA DA SES/MS

GOVERNO DO ESTADO DE MATO GROSSO DO SUL
SECRETARIA DE ESTADO DE SAÚDE

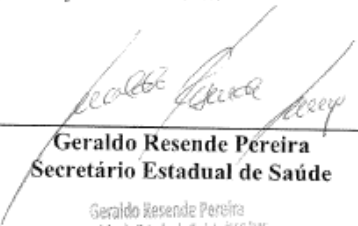
**ANUÊNCIA DE PESQUISA**

O Senhor Secretário Estadual de Saúde do Estado de Mato Grosso do Sul, Dr. Geraldo Resende Pereira, CPF: 128.969.181-91, autoriza a pesquisa “ViGeCoV2: Núcleo de vigilância genômica em tempo real do SARS-CoV-2 no Brasil”. O projeto é coordenado pelo Dr. Luiz Carlos Junior Alcantara, pesquisador titular em Saúde Pública, do Laboratório de Flavivírus do Instituto Oswaldo Cruz da Fundação Oswaldo Cruz (LABFLA – IOC/FIOCRUZ).

O objetivo da proposta é colaborar com o diagnóstico de SARS-CoV-2 e arboviroses circulantes, com fins de vigilância epidemiológica do Estado e do Ministério da Saúde. Logo solicita-se o acesso as amostras do Laboratório Central de Saúde Pública (Lacen/MS) para fins de pesquisa na vigilância dos surtos de importância nacional e internacional, visando acelerar a produção de conhecimento e contribuir com a vigilância, atendendo aos requisitos da Resolução CONEP nº 510/2016. Para isto, está autorizado o acesso as instalações e amostras do Lacen/MS para as atividades experimentais.

A SES/MS, por meio do Lacen/MS está de acordo com o projeto, e solicita ser informada quando da interrupção da pesquisa, e que os resultados sejam relatados no fluxo na Gerência de Pesquisa, Extensão e Inovação em Saúde da Escola de Saúde Pública Dr. Jorge David Nasser (ESP/MS). O Lacen/MS solicita ainda que os pesquisadores considerem as sugestões da Comunicação Interna nº13/2022 (anexo) para a realização da pesquisa no estado.

Campo Grande, Mato Grosso do Sul, 21 de janeiro de 2022.



Geraldo Resende Pereira
Secretário Estadual de Saúde

Geraldo Resende Pereira
Secretário de Estado de Saúde/SES/MS
Matrícula: 7230279

ANEXO D – TERMO DE ANUÊNCIA DA AGEPEN/MS

GOVERNO DO ESTADO DE MATO GROSSO DO SUL
SECRETARIA DE ESTADO DE JUSTIÇA E SEGURANÇA PÚBLICA
AGÊNCIA ESTADUAL DE ADMINISTRAÇÃO DO SISTEMA PENITENCIÁRIO

TERMO DE ANUÊNCIA

Após a apresentação das características do projeto de pesquisa **“ViGeCoV2: Núcleo de vigilância genômica em tempo real do SARS-CoV-2 no Brasil”**, bem como o termo de anuência de pesquisa assinado desde 21/01/2022, pelo Secretário Estadual de Saúde, Dr. Geraldo Resende Pereira, declaro ciente das características do projeto, incluindo o fato de envolver população privada de liberdade – PPL, das unidades prisionais Gameleira I e II e Centro Penal Agroindustrial da Gameleira – CPAIG. Manifesto concordância para o início do processo para a realização do referido estudo.

Campo Grande, 08 de abril de 2022.

Aud de Oliveira Chaves
Diretor Presidente
AGEPEN/MS

Aud de Oliveira Chaves
Diretor Presidente
Agência Estadual de Administração do Sistema Penitenciário do Mato Grosso
do Sul – AGEPEN/MS

ANEXO E – TABELA SUPLEMENTAR

Informações epidemiológicas do sequenciamento dos genomas de SARS-CoV-2 na PPL do estado do Mato Grosso do Sul.

Identificação (GAL)	Qubit_ng por uL (pools A e B)	Rename	Contigs	Reads	Coverage	Depth of Coverage	Identity NT	Identity AA	Lineages
220102045606	16,7	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode02 2022-06-30	23	8833	99,3	200,9	99,5	99,1	BA.5
220102045609	5,9	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode03 2022-06-30	38	10349	99,4	363,3	99,4	98,7	BA.2
220102045615	39,8	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode04 2022-06-30	12	14759	99,3	284,7	99,7	99,4	BA.2
220102045618	11,6	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode05 2022-06-30	44	14574	99,3	462,8	99,1	98,3	BA.2
220102046364	5,42	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode06 2022-07-05	42	18376	99,2	680	99,2	98,2	BA.2
220102046369	32,4	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode07 2022-07-05	22	11220	99,5	247,5	99,3	98,8	BA.2
220102046373	4,4	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode08 2022-07-05	33	8605	99,3	212	99,4	99	BA.2
220102046376	13,6	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode09 2022-07-05	20	10122	99,2	221,7	99,7	99,4	BA.2
220102046743	34,4	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode11 2022-07-07	23	1226	99,3	44,8	99,6	98,9	BA.2
220102046745	5,8	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode12 2022-07-07	19	11362	99,3	243,8	99,6	99,3	BA.2
220102047371	58,6	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode13 2022-07-12	6	17733	99,5	325,3	99,7	99,5	BA.2
220102047819	21,6	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode15 2022-07-18	18	6266	99,3	133,8	99,5	99,2	BA.2
220102047821	1,24	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode16 2022-07-18	31	4342	99,3	140,3	99,4	98,5	BA.2
220102051216	3,3	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode18 2022-08-23	24	7203	99,3	204,5	99,5	98,9	BA.5
220102051230	1,41	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode20 2022-08-23	29	10434	99,4	250,3	99,5	99	BA.5
220102051232	8,16	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode21 2022-08-23	21	13823	99,4	286,9	99,6	99,2	BA.5
220102051234	43,8	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode22 2022-08-23	12	17071	99,2	312,8	99,6	99,3	BA.5
220102051270	1,92	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode23 2022-08-23	33	3008	99,5	105,8	99,6	99	BA.2
220102051467	44,2	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode24 2022-08-25	13	10661	99,3	206,8	99,7	99,4	BA.5
220102051468	4,7	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode25 2022-08-25	21	9969	99,2	206,4	99,6	99,2	BA.5
220102051517	4,58	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode26 2022-08-25	23	11444	99,2	251	99,6	99,1	BA.5
220102051725	32,6	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode27 2022-08-29	11	13700	99,6	265,9	99,7	99,4	BA.5
220102053182	26,4	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode28 2022-09-12	13	12771	99,3	250,9	99,6	99,3	BA.2
220102053982	5,66	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode29 2022-09-19	20	8842	99,2	196,9	99,6	99,2	BA.2
220102054016	1,73	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode30 2022-09-19	21	7928	99,3	188,9	99,6	99,2	BA.2
220102054850	45,2	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode31 2022-09-27	6	14835	99,3	274,2	99,5	99,3	BA.2
220102045505	14,4	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode33 2022-06-29	16	10976	99,2	225,5	99,6	99,4	BA.2
220102046362	1,01	Lib2_SARS_DENV2_FAU03039_251022_barcode46 2022-07-05	25	1632	99,3	59,8	99,6	98,9	BA.2