

Introdução

O surgimento de mutações é um evento natural e esperado dentro do processo evolutivo dos vírus. Desde a caracterização genômica inicial do SARS-CoV-2, este vírus se dividiu em diferentes grupos genéticos ou clados. De fato, algumas mutações específicas definem os grupos genéticos virais (também denominadas linhagens) que atualmente circulam no mundo (**Tabela 1** e **Figura 1**). Devido a diversos processos de microevolução e pressões de seleção, podem surgir algumas mutações adicionais, gerando diferenças dentro de cada grupo genético (denominadas variantes). É importante mencionar que as denominações clado, linhagem, variante etc. são arbitrárias e não correspondem a uma hierarquia taxonômica oficial.

Com as informações disponíveis até o momento, a maioria das mutações do SARS-CoV-2 teve pouco ou nenhum impacto sobre como ele é transmitido ou sobre a gravidade da doença que causa.

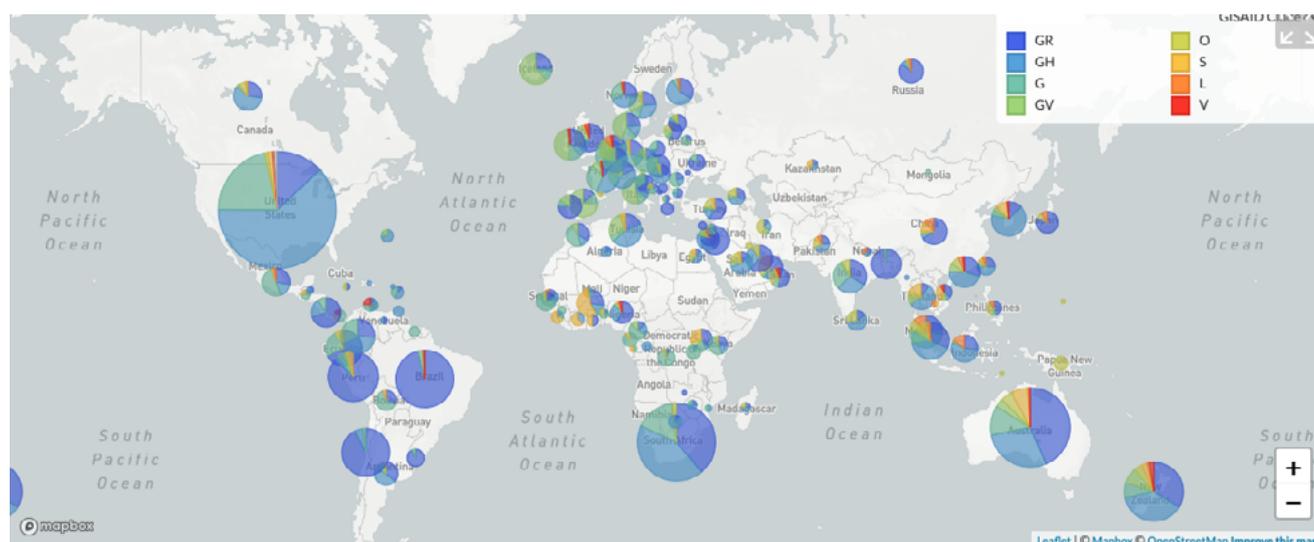
Tabela 1. Mutações que definem as variantes genéticas de SARS-CoV-2

Grupo Genético		Mutações de referência do grupo genético	Mutações na proteína S
S	A	C8782T, T28144C, NS8-L84S	N439K N501T V503F S494P N501Y S477N
L	B	C241, C3037, A23403, C8782, G11083, G25563, G26144, T28144, G28882	N439K N501T V503F S494P N501Y S477N
V	B.2	G11083T, G26144T, NSP6-L37F, NS3-G251V	N439K N501T V503F S494P N501Y S477N
G	B.1	C241T, C3037T, A23403G, S-D614G	N501S N501H V503F T478I F490Y Y453F V445A A475S N439K A475V F490S G446V S477I S477N G476S T478R N501Y E484K N437S S477T S494P
GH	B.1*	C241T, C3037T, A23403G, G25563T, S-D614G + NS3-Q57H	N501T E484Q K417N V503F N501I N501Y E484A E484K N439K T478K G485R S494P A475V G446V Q493K S477N
GR	B.1.1.1	C241T, C3037T, A23403G, G28882A, S-D614G + N-G204R	K417N V503F Y453F S494L A475V G446V F490S S477R S477I F490L S477N G476S N501T V445I N501Y G447V E484K K458N T478K S494P
GV	B.1.177	C241T, C3037T, A23403G, C22227T, S-D614G + S-A222V	N501S N501H V503F T478I F490Y Y453F V445A A475S N439K A475V F490S G446V S477I S477N G476S T478R N501Y E484K N437S S477T S494P

Fonte: GISAID. Disponível em: <https://platform.gisaid.org>. Acessada em 19 de janeiro de 2021.

Citação sugerida: Ocorrência de variantes de SARS-CoV-2 nas Américas, 20 de janeiro de 2021. Brasília, D.F.: Organização Pan-Americana da Saúde; 2021.

Figura 1. Distribuição geográfica das variantes genéticas de SARS-CoV-2



Fonte: GISAID. Disponível em: <https://bit.ly/3qA9nXI> Acessado em 18 de janeiro de 2021.

Desde a identificação inicial do SARS-CoV-2 até o momento, foram compartilhadas mais de 387.500 sequências genômicas completas no mundo todo, por meio de bancos de dados de acesso público. A capacidade de monitorar a evolução viral quase em tempo real tem impacto direto na resposta de saúde pública à pandemia de COVID-19.

A compreensão cada vez maior de como os dados de sequenciamento genômico (GSD, na sigla em inglês) podem contribuir para melhorar a saúde pública justifica e incentiva a expansão da capacidade de sequenciamento; no entanto, os desafios para a implementação generalizada persistem (pessoal treinado suficiente, disponibilidade de equipamentos, reagentes e infraestrutura de bioinformática, garantia de qualidade dos dados e capacidades para sua interpretação e utilização). Atualmente, a capacidade de sequenciamento e os dados não estão uniformemente distribuídos em todo o mundo, com uma representação enviesada do SARS-CoV-2 GSD de países de alta renda¹. Esse viés deve ser considerado ao avaliar a presença ou ausência de uma determinada variante em um local e sua frequência relativa.

Caracterização genômica do SARS-CoV-2

Os recentes relatórios de diferentes variantes do SARS-CoV-2 voltaram a despertar o interesse e a preocupação com o impacto das mutações virais. Nos últimos meses, duas variantes diferentes de SARS-CoV-2 foram notificadas à OMS como eventos incomuns de saúde pública: no Reino Unido e na Irlanda do Norte, denominada VOC 202012/01, pertencente à linhagem B.1.1.7; e na África do Sul, denominada 501Y.V2, pertencente à linhagem B.1.351.

Variante VOC 202012/01, linhagem B.1.1.7

Em 14 de dezembro de 2020, as autoridades do Reino Unido notificaram a OMS sobre uma variante denominada pelo Reino Unido como SARS-CoV-2 VOC 202012/01. Essa variante contém 23 substituições de nucleotídeos e não está filogeneticamente relacionada ao vírus SARS-CoV-2 que circulava no Reino Unido quando foi detectada. Não está claro como e onde se originou.

¹ OMS. Sequenciamento genômico do SARS-CoV-2 para fins de saúde pública. Guia provisório, 8 de janeiro de 2021. WHO/2019-nCoV/genomic sequencing/2021.1. Disponível em inglês em: <https://bit.ly/38uAr0>

Achados e dados preliminares, epidemiológicos, de modelagem, filogenéticos e clínicos, sugerem que o SARS-CoV-2 VOC 202012/01 tem maior transmissibilidade. No entanto, as análises preliminares até o momento não indicam mudanças na gravidade da doença (medida pela duração da hospitalização e pela taxa de letalidade em 28 dias) ou o surgimento de reinfeção entre os casos positivos para essa variante, em comparação com casos de outras linhagens de SARS-CoV-2 que circulam no Reino Unido. Mesmo sem observar uma maior gravidade nos casos, o aumento da transmissibilidade é preocupante, pois está associado a um impacto significativo para a saúde pública, devido ao aumento de casos em um período limitado².

Desde 19 de janeiro de 2021, fora do Reino Unido, 60 países e territórios das seis regiões da OMS notificaram casos importados ou transmissão comunitária de VOC 202012/01³ (**Figura 2**), número que representa 20 países e territórios a mais desde a publicação do documento intitulado "Ocorrência de variantes de SARS-CoV-2 nas Américas. Informações preliminares" em 11 de janeiro de 2021⁴.

Variante 501.V2, linhagem B.1.351

Em 18 de dezembro de 2020, as autoridades nacionais da África do Sul anunciaram a detecção de uma nova variante do SARS-CoV-2 que está se espalhando rapidamente em três províncias sul-africanas. A África do Sul denominou essa variante de 501Y.V2, devido a uma mutação N501Y. Embora a variante VOC 202012/01 também tenha a mutação N501Y, a análise filogenética mostrou que a 501Y.V2 detectada na África do Sul é uma variante diferente.

Os dados genômicos destacaram que a variante 501.V2 deslocou rapidamente outras linhagens que circulam na África do Sul. Estudos preliminares sugerem que essa variante está associada a uma carga viral mais alta, o que pode sugerir um potencial de maior transmissibilidade. No entanto, é necessário continuar investigando este e outros fatores que influenciam a transmissibilidade⁵.

Além disso, nesse estágio da pesquisa em andamento, não há evidências claras de que a nova variante esteja associada a uma doença mais grave ou um pior desfecho. São necessárias mais pesquisas para entender o impacto na transmissão, gravidade clínica da infecção, diagnósticos laboratoriais, terapêutica, vacinas ou medidas preventivas de saúde pública⁵. Embora essa nova variante não pareça causar doenças mais graves, o rápido aumento observado no número de casos está pressionando os sistemas de saúde⁶.

Em 19 de janeiro de 2021, fora da África do Sul, 23 países de quatro das seis regiões da OMS notificaram casos da variante 501Y.V2³ (**Figura 2**), número que representa 17 países a mais desde a publicação do documento intitulado "Ocorrência de variantes de SARS-CoV-2 nas Américas. Informações preliminares" em 11 de janeiro de 2021⁴.

² OMS. Variantes de SARS-CoV-2, 31 de dezembro de 2020. Disponível em: <https://bit.ly/2Nif1j6>

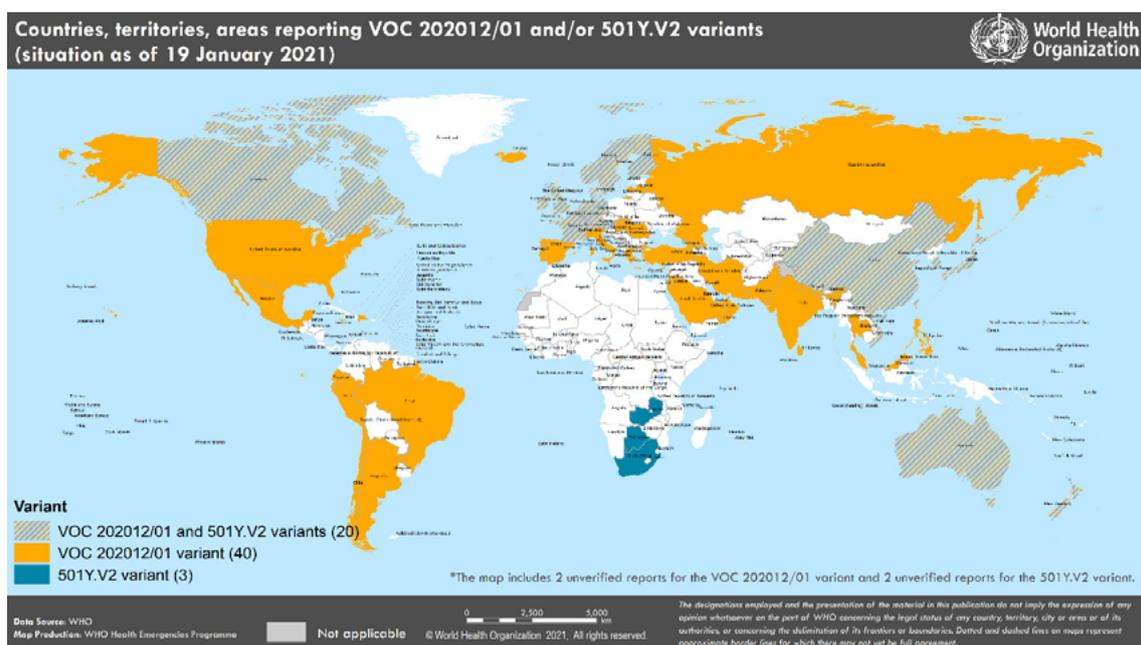
³ OMS. Atualização epidemiológica semanal de COVID-19. Publicada em 19 de janeiro de 2021. Disponível em: <https://bit.ly/2LE5KI5>

⁴ OPAS/OMS. Ocorrência de variantes de SARS-CoV-2 nas Américas. Informações preliminares em 11 de janeiro de 2021, Washington, D.C. OPAS/OMS. 2021. Disponível em: <https://bit.ly/2LeZBeX>

⁵ OMS. Atualização epidemiológica semanal de COVID-19. Publicada em 5 de janeiro de 2021. Disponível em: <https://bit.ly/3oGtAeg>

⁶ OMS. Atualização epidemiológica semanal de COVID-19. Publicada em 12 de janeiro de 2021. Disponível em: <https://bit.ly/2Knxxm>

Figura 2. Distribuição geográfica das variantes genéticas de SARS-CoV-2: VOC 202012/01 e 501Y.V2, 19 de janeiro de 2021



Fonte: OMS. Atualização epidemiológica semanal de COVID-19. Publicada em 19 de janeiro de 2021. Disponível em: <https://bit.ly/2LE5K15>

Estão sendo realizadas mais investigações epidemiológicas e virológicas para continuar avaliando a transmissibilidade, a gravidade, o risco de reinfecção e a resposta de anticorpos a essas novas variantes, bem como seu potencial impacto nas medidas de saúde pública, incluindo diagnóstico, tratamento e vacinas.

Outras variantes de potencial interesse na saúde pública

Além das variantes já mencionadas, o Brasil, os Estados Unidos da América e o Japão notificaram a detecção de variantes cuja abrangência e importância para a saúde pública exigem mais investigação epidemiológica e laboratorial.⁵

Linhagem B.1.1.28

A linhagem foi descrita pela primeira vez no Brasil em 5 de março de 2020, pelo Instituto Adolfo Lutz, em um paciente de 22 anos. Essa linhagem tem circulado no Reino Unido (3,0%), na Austrália (1,0%), nos Estados Unidos (1,0%) e em Portugal (1,0%)⁷.

Variante P.1, linhagem B.1.1.28

Em 9 de janeiro de 2021, o **Japão** notificou a OMS sobre uma nova variante do SARS-CoV-2, B.1.1.28 (inicialmente relatada como B.1.1.248), detectada em quatro viajantes do Brasil. Essa variante não está proximoamente relacionada às variantes SARS-CoV-2 VOC 202012/01 e 501Y.V2.

Essa variante possui 12 mutações na proteína espícula, incluindo três mutações de interesse em comum com 501Y.V2, ou seja, K417N / T, E484K e N501Y, que podem afetar a transmissibilidade e a resposta imune do hospedeiro⁵.

⁷ GISAID. Disponível em: <https://www.gisaid.org/>

Em 12 de janeiro de 2021, pesquisadores do **Brasil**⁸ relataram a detecção de uma variante da linhagem B.1.1.28 que, como a variante P.1, apresenta a mutação E484K, que provavelmente evoluiu independentemente da variante detectada nos viajantes no Japão. A detecção foi realizada no estado do Amazonas.

Além disso, outros pesquisadores do Brasil relataram a realização de 148 sequências do genoma completo do SARS-CoV-2 do estado do Amazonas, na qual foram identificadas 69 (47%) sequências B.1.1.28 amostradas de diferentes municípios, entre 13 de abril e 13 de novembro de 2020, sendo essa a variante mais prevalente nesse estado brasileiro^{9,10,11}.

Variante L452R

Nos **Estados Unidos**, o Departamento de Saúde Pública da Califórnia (CDPH, na sigla em inglês), em coordenação com o condado de Santa Clara e a Universidade da Califórnia, San Francisco (UCSF, na sigla em inglês), anunciou, em 17 de janeiro 2021, que a variante do SARS-CoV-2, L452R, é detectada com maior frequência, por meio de sequenciamento genômico do vírus em vários condados do estado da Califórnia. Estão em andamento pesquisas sobre essa variante e seu impacto na saúde pública¹².

Variantes genéticas do SARS-CoV-2 nas Américas

A Região das Américas tem contribuído para a geração de dados de sequenciamento genômico por meio da Rede Regional de Vigilância Genômica de COVID-19^{13,14}, aberta a todos os países da região, por meio dos Laboratórios Nacionais de Saúde Pública ou instituições públicas equivalentes. Essa Rede inclui dois Laboratórios Regionais de Sequenciamento (Fiocruz, no Brasil, e Instituto de Saúde Pública, no Chile), que fornecem sequenciamento externo aos laboratórios participantes da rede que não têm capacidade para sequenciar¹⁵.

Até 19 de janeiro de 2021, países e territórios das Américas publicaram, na plataforma GISAID, 87.851 genomas do SARS-CoV-2, coletados entre fevereiro de 2020 e janeiro de 2021. Os países e territórios que contribuíram foram: Antígua e Barbuda, Argentina, Aruba, Belize, Bermudas, Bolívia, Brasil, Canadá, Chile, Colômbia, Costa Rica, Cuba, Curaçao, Equador, El Salvador, Estados Unidos da América, Guadalupe, Guatemala, Jamaica, México, Panamá, Peru, República Dominicana, São Bartolomeu, Santo Eustáquio, São Cristóvão e Névis, São Martinho, São Vicente e Granadinas, Suriname, Trindade e Tobago, Uruguai e Venezuela.

⁸ Faria N, Morales I, Candido D, et al. Genomic characterization of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings. Disponível em: <https://bit.ly/3qx9aEU>

⁹ Ministério da Saúde do Brasil. Rede Genômica da Fundação Oswaldo Cruz (FioCruz). Nota Técnica 2021/01. Disponível em: <https://bit.ly/3sBdYLe>

¹⁰ Naveca F, Nascimento V, Souza V. et al. Phylogenetic relationship of SARS-CoV-2 sequences from Amazonas with emerging Brazilian variants harboring mutations E484K and N501Y in the Spike protein. Disponível em: <https://bit.ly/3sC2Ttj>

¹¹ Informações disponíveis em: <https://bit.ly/38VU3yH>

¹² Departamento de Saúde Pública da Califórnia. Comunicado de imprensa. Disponível em: <https://bit.ly/3bVtc7V>

¹³ Rede Regional de Vigilância Genômica de COVID-19. Disponível em: <https://bit.ly/3bu0qez>

¹⁴ De acordo com a Resolução CD58.R9 - A pandemia de COVID-19 na Região das Américas, "O 58º Conselho Diretor resolve solicitar à Diretora que: mantenha a rede regional de vigilância da influenza e outros vírus respiratórios e a expanda, criando uma rede regional de vigilância genômica".

¹⁵ OPAS/OMS. Nota técnica: Caracterização genômica do SARS-CoV-2 e variantes circulantes na Região das Américas. Disponível em: <https://bit.ly/3i4klf>

Em relação à situação na Região das Américas, até 18 de janeiro de 2021, 10 países (dois países a mais em relação à publicação de 11 de janeiro de 2021³) notificaram a detecção da variante VOC 202012/01 (**Tabela 2**), um país notificou a detecção da variante 501Y.V2 e dois países a detecção de mutações de potencial interesse para a saúde pública (**Tabela 2**).

Tabela 2. Detecção da variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01, da variante 501Y.V2 e de outras mutações de interesse para a saúde pública na Região das Américas, em 18 de janeiro de 2021

País	Variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01	Variante 501Y.V2	Outras mutações de potencial interesse para a saúde pública
Argentina	Sim	Não	Não
Brasil	Sim	Não	Sim (E484K)
Canadá	Sim	Sim	Não
Chile	Sim	Não	Não
Equador	Sim	Não	Não
Estados Unidos da América	Sim	Não	Sim (L452R)
Jamaica	Sim	Não	Não
México	Sim	Não	Não
Peru	Sim	Não	Não
República Dominicana	Sim	Não	Não

Fonte: Informações compartilhadas pelos Centros Nacionais de Enlace para o Regulamento Sanitário Internacional (RSI) ou publicadas nos sites dos Ministérios da Saúde, Agências de Saúde ou similares e reproduzidas pela OPAS/OMS.

Até 19 de janeiro de 2021, os **Estados Unidos** é o país da Região das Américas que notificou o maior número de casos nos quais foi detectada a variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01 (122 casos¹⁶), distribuídos em 20 estados¹⁷, sendo que os estados da Califórnia e Flórida concentram 70% dos casos notificados.

Até 15 de janeiro de 2021, o **Canadá**¹⁸ e o **Chile**¹⁹ notificaram 23 e 20 casos, respectivamente, com a variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01.

Por outro lado, até 15 de janeiro de 2021, a variante 501.V2, linhagem B.1.35, foi detectada apenas no Canadá (2 casos), na Região das Américas.

Conclusões e orientações para as autoridades nacionais

As autoridades nacionais e locais devem continuar fortalecendo as atividades de controle de doenças existentes, incluindo o monitoramento de suas epidemias por meio da vigilância epidemiológica em andamento e dos testes estratégicos; realizar investigações de surtos e busca

¹⁶ O número de casos notificados se baseia em um conjunto de amostras positivas para SARS-CoV-2 e não representa o número total de casos da linhagem B.1.1.7 que pode estar circulando nos Estados Unidos da América e possivelmente não corresponde aos números relatados pelos estados, territórios, tribos e autoridades locais. Centros de controle e prevenção de doenças (CDC, na sigla em inglês). Disponível em: <https://bit.ly/39K33pV>

¹⁷ Centros de controle e prevenção de doenças (CDC, na sigla em inglês). Disponível em: <https://bit.ly/39K33pV>

¹⁸ Agência de Saúde Pública do Canadá. Disponível em: <https://bit.ly/39K4F2X>

¹⁹ Ministério da Saúde do Chile. Relatório de circulação do SARS-CoV-2 VOC 202012/01 no Chile. Disponível em: <https://bit.ly/2KuWS0s>

de contatos; e, quando apropriado, ajustar as medidas sociais e de saúde pública para reduzir a transmissão do SARS-CoV-2.

As informações disponíveis indicam que ambas as variantes de interesse (VOC 202012/01 e 501Y.V2) foram identificadas nas Américas. A frequência de detecção dessas variantes ainda é muito limitada até o momento. Porém, existe a possibilidade de que a detecção dessas variantes aumente gradualmente nas próximas semanas e meses.

Assim como os padrões de circulação global, a detecção das variantes do SARS-CoV-2 em um país e local específicos também depende da capacidade de cada país de realizar a vigilância genômica.

Desde março de 2020, a OPAS/OMS tem fortalecido a capacidade de cada país para realizar a vigilância genômica no âmbito da Rede Regional de Vigilância Genômica de COVID-19, estimulando os estados membros a participar dessa Rede e a realizar o sequenciamento, de acordo com as amostras recomendadas e as abordagens técnicas da Rede.

Além de recomendar a publicação oportuna das sequências na plataforma GISAID, a OPAS/OMS solicita que os países notifiquem imediatamente a primeira detecção das variantes VOC 202012/01 e 501Y.V2 ao primeiro nível subnacional, com base nos dados mínimos, de acordo com o documento da OMS, disponível em: <https://bit.ly/3sd4Psb>

Também é recomendado monitorar constantemente as mudanças repentinas e importantes de incidência (por exemplo, de 50% em um período de 2–4 semanas) que ocorram considerando as medidas de saúde pública e de distanciamento social implementadas e cumpridas pela população. O cálculo e o monitoramento da incidência com base na data de início dos sintomas (comparado com a data de notificação) devem contribuir para melhorar o tempo de monitoramento.

A OPAS/OMS recomenda que, em caso de sintomas que sugiram uma doença respiratória aguda durante ou após a viagem, os viajantes procurem atendimento médico e compartilhem seu histórico de viagens com o profissional de saúde. As autoridades de saúde devem trabalhar com os setores de transporte e turismo para fornecer aos viajantes informações para reduzir o risco de infecção.

De acordo com a assessoria prestada pelo Comitê de Emergência sobre COVID-19, em sua reunião mais recente²⁰, a OMS recomenda que os estados-partes reconsiderem periodicamente as medidas aplicadas a viagens internacionais, conforme o Artigo 43 do Regulamento Sanitário Internacional (2005), e continuem fornecendo informações e justificativas à OMS sobre as medidas que interferem significativamente no tráfego internacional. Estimula os estados-partes a usarem critérios coordenados, com prazos limitados, baseados nos riscos e fundamentados em dados comprovados para definir medidas sanitárias aplicáveis a viagens internacionais.

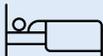
Em todas as circunstâncias, as viagens essenciais (por exemplo, socorristas de emergência; prestadores de suporte técnico de saúde pública; trabalhadores essenciais do setor de transporte e segurança, como marítimos; repatriações; e transporte de carga para insumos essenciais, como

²⁰ OMS. Declaração sobre a sexta reunião do Comitê de Emergência do Regulamento Sanitário Internacional (2005) sobre a pandemia da doença causada pelo coronavírus de 2019 (COVID-19), 15 de janeiro de 2021. Disponível em: [https://www.who.int/es/news/item/15-01-2021-statement-on-the-sixth-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-\(covid-19\)-pandemic](https://www.who.int/es/news/item/15-01-2021-statement-on-the-sixth-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-(covid-19)-pandemic)

alimentos, medicamentos e combustível) identificados pelos países sempre devem ser priorizados e facilitados.

Adicionalmente, a OPAS/OMS mantém as recomendações publicadas por meio dos Alertas e Atualizações Epidemiológicos de COVID-19 emitidos até o momento, disponíveis em: <https://bit.ly/3dErsyG>

A seguir, são listados os links para uma série de guias, relatórios científicos e outros recursos publicados pela OPAS/OMS e pela OMS.

<p>Vigilância, equipes de resposta rápida e investigação de casos</p> 	<p>Tratamento Clínico</p> 
<p>Acesse os documentos em inglês neste link: https://bit.ly/30zjmCj</p> <p>Acesse os documentos em espanhol nos seguintes links: https://bit.ly/2SyV6Mg e https://bit.ly/33AsZCL</p>	<p>Acesse os documentos em inglês neste link: https://bit.ly/3li6wQB</p> <p>Acesse os documentos em espanhol nos seguintes links: https://bit.ly/2SyV6Mg e https://bit.ly/3i8IJIR</p>
<p>Laboratório</p> 	<p>Prevenção e controle de infecções</p> 
<p>Acesse os documentos em inglês neste link: https://bit.ly/3d3TJ1g</p> <p>Acesse os documentos em espanhol nos seguintes links: https://bit.ly/2SyV6Mg e https://bit.ly/2LgILNX</p>	<p>Acesse os documentos em inglês neste link: https://bit.ly/3d2ckuV</p> <p>Acesse os documentos em espanhol nos seguintes links: https://bit.ly/2SyV6Mg e https://bit.ly/3oARxDH</p>
<p>Preparação crítica e resposta</p> 	<p>Viagens, pontos de entrada e saúde de fronteiras</p> 
<p>Acesse os documentos em inglês neste link: https://bit.ly/3ljWHBT</p> <p>Acesse os documentos em espanhol nos seguintes links: https://bit.ly/2SyV6Mg e https://bit.ly/3i5rNN6</p>	<p>Acesse os documentos em inglês neste link: https://bit.ly/3ivDivW</p> <p>Acesse os documentos em espanhol nos seguintes links: https://bit.ly/2SyV6Mg e https://bit.ly/3i5rNN6</p>
<p>Escolas, locais de trabalho e outras instituições</p> 	<p>Outros recursos</p>
<p>Acesse os documentos em inglês neste link: https://bit.ly/3d66iJO</p> <p>Acesse os documentos em espanhol nos seguintes links: https://bit.ly/2SyV6Mg e https://bit.ly/3i5rNN6</p>	<p>Acesse os documentos em inglês neste link: https://bit.ly/33zXgRQ</p> <p>Acesse os documentos em espanhol nos seguintes links: https://bit.ly/2SyV6Mg e https://bit.ly/3i5rNN6</p>

Referências

1. OMS. Secuenciación genómica del SARS-CoV-2 para objetivos de salud **pública [Sequenciamento genômico do SARS-CoV-2 para fins de saúde pública]**. Guia provisório, 8 de janeiro de 2021. Disponível em inglês em: <https://bit.ly/38uAr0>
2. OMS. Secuenciación genómica del SARS-CoV-2: una guía de implementación para lograr el **máximo impacto** en la salud **pública [Sequenciamento genômico do SARS-CoV-2: um guia de implementação para alcançar o máximo impacto na saúde pública]**, 8 de janeiro de 2021. Disponível em inglês em: <https://bit.ly/3sd4Psb>
3. OMS. Pruebas diagnósticas para el SARS-CoV-2. Orientaciones provisionales [Testes de diagnóstico para SARS-CoV-2. Orientações provisórias], 11 de setembro de 2020. Disponível em: <https://bit.ly/2HjNb33>
4. OPAS/OMS. Rede Regional de Vigilância Genômica de COVID-19. Disponível em: <https://bit.ly/3bu0qez>
5. Projeto **Argentino** Interinstitucional de Genômica de SARS-CoV-2. Relatório nº 12, 15 de janeiro de 2021. Disponível em: <https://bit.ly/35RA1n1>
6. Relatório do Centro Nacional de Enlace (CNE) para o Regulamento Sanitário Internacional (RSI) da **República Dominicana**, recebido por e-mail pela OPAS/OMS.
7. Centros de Controle e Prevenção de Doenças dos **Estados Unidos da América**. Casos de COVID-19 nos EUA causados por variantes. Disponível em: <https://bit.ly/2XvvqCC>
8. OMS. Considerations for implementing a risk-based approach to international travel in the context of COVID-19: interim guidance, 16 dezembro de 2020. Disponível em: <https://bit.ly/3qBbmuV>
9. OMS. Risk assessment tool to inform mitigation measures for international travel in the context of COVID-19. Disponível em inglês em: <https://bit.ly/3iuxYKR>
10. OMS. COVID-19 diagnostic testing in the context of international travel, Scientific brief. 16 de dezembro de 2020. Disponível em inglês em: <https://bit.ly/39l6dAp>