



Aspectos relevantes

- Recentemente, foi documentado que as pessoas infectadas com a **variante VOC 202012/01** têm um risco maior de óbito do que as pessoas infectadas com outras variantes².
- Estudos preliminares sugerem que a **variante 501Y.V2** está associada a uma carga viral mais alta, o que pode sugerir um potencial de maior transmissibilidade.
- Foi registrado um aumento da **variante P.1, linhagem B.1.1.28** em Manaus, constituindo 52,2% (n = 35/67) dos casos tipificados de SARS-CoV-2 em dezembro causados pela P.1. Em janeiro de 2021, essa proporção aumentou para 85,4% (n = 41/48)³.

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.

Citação sugerida: *Epidemiological Update: Occurrence of variants of SARS-CoV-2 in the Americas - 20 January 2021*. Brasília, D.F.: Organização Pan-Americana da Saúde; 2021.

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	E484K K417N N501Y S477N
L	B	C241, C3037, A23403, C8782, G11083, G25563, G26144, T28144, G28882	E484K K417N N501Y S477N
V	B.2	G11083T, G26144T, NSP6-L37F, NS3-G251V	E484K K417N N501Y S477N
G	B.1	C241T, C3037T, A23403G, S-D614G	N501S E484Q T478I S477G N439K A475V F456L F490S S477R S477I S477N S494A N501Y V445I E484K T478K S494P
GH	B.1*	C241T, C3037T, A23403G, G25563T, S-D614G + NS3-Q57H	N501T K417N Y453F N501Y E484K E484D N439K S494P S477R G446V S477N
GR	B.1.1.1	C241T, C3037T, A23403G, G28882A, S-D614G + N-G204R	Q493R F490Y Y453F S477G A475V F490S G446V S477R S477I S477N G502V K417T N501Y G446S G447V E484K K458N T478K S494P
GV	B.1.177	C241T, C3037T, A23403G, C22227T, S-D614G + S-A222V	N501S E484Q T478I S477G N439K A475V F456L F490S S477R S477I S477N S494A N501Y V445I E484K T478K S494P

Fonte: GISAID. Disponível em: <https://platform.gisaid.org>. Atualizado em 22 de janeiro de 2021. Alterações na glicoproteína S (espícula) para os 14.399 novos genomas completos). Acessado em 25 de janeiro de 2021.

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



Fonte: GISAID. Disponível em: <https://bit.ly/3qA9nXI> Acessado em 25 de janeiro de 2021.

Desde a identificação inicial do SARS-CoV-2 até o momento, foram compartilhadas mais de 414.575 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.

Há uma compreensão cada vez maior de como os dados de sequenciamento genômico (GSD, na sigla em inglês) ajudam a melhorar as ações de saúde pública. Por isso, é necessário expandir a capacidade de sequenciamento na Região. Atualmente, a capacidade de sequenciamento e os dados não estão uniformemente distribuídos em todo o mundo, com uma represen-

tação 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.

A seguir, é apresentado um resumo sobre as variantes de SARS-CoV-2 que têm ou podem ter impacto na saúde pública.

Caracterização genômica do SARS-CoV-2

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 ela foi detectada. Não está claro como e onde se originou.

Achados e dados preliminares, recentemente publicados pelo governo do Reino Unido, indicam que:

- A variante VOC 202012/01, B.1.1.7 parece ter aumentado substancialmente a transmissibilidade em comparação com outras variantes e cresceu rapidamente, até se tornar a variante dominante em grande parte do Reino Unido.
- De acordo com a avaliação inicial realizada pela Agência de Saúde Pública do Reino Unido (PHE, na sigla em inglês) sobre a gravidade da doença, por meio de um estudo de casos e controles pareados, não houve diferenças significativas no risco de hospitalização ou morte em pessoas infectadas com a variante B.1.1.7, em comparação com aquelas infectadas com outras variantes.
- Com base em diferentes análises realizadas em pessoas que faleceram e que tiveram teste positivo para a variante B.1.1.7, em comparação com aquelas infectadas com outras variantes, existe uma possibilidade real de que o primeiro grupo de pessoas (aquelas infectadas com a variante B.1.1.7) tenha um risco maior de óbito do que as pessoas infectadas com outras variantes².

Até 25 de janeiro de 2021, fora do Reino Unido, 62 países e territórios das seis regiões da OMS notificaram casos importados ou transmissão comunitária de VOC 202012/01, número que representa 2 países e territórios a mais desde a publicação da Atualização Epidemiológica de Ocorrência de variantes de SARS-CoV-2 nas Américas, em 20 de janeiro de 2021, pela OPAS/OMS³.

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>

² Governo do Reino Unido. NERVTAG paper on COVID-19 variant of concern B.1.1.7. Publicado em 22 de janeiro de 2021. Disponível em: <https://bit.ly/39fT5hd>

³ OPAS/OMS. Ocorrência de variantes de SARS-CoV-2 nas Américas, 20 de janeiro de 2021, Washington, DC OPAS/OMS. 2021. Disponível em: <http://bit.ly/3sK111V>

Variante 501Y.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 demonstrou que a 501Y.V2 detectada na África do Sul é uma variante diferente.

Os dados genômicos destacaram que a variante 501Y.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 transmissibilidade⁴.

Além disso, nessa fase das pesquisas 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 doença mais grave, o rápido aumento observado no número de casos está pressionando os sistemas de saúde⁶.

Até 25 de janeiro de 2021, fora da África do Sul, 30 países de cinco das seis regiões da OMS notificaram casos da variante 501Y.V2, número que representa 7 países a mais desde a publicação da Atualização Epidemiológica de Ocorrência de variantes de SARS-CoV-2 nas Américas - 20 de janeiro de 2021, pela OPAS/OMS³.

Estão sendo realizadas mais investigações epidemiológicas e virológicas para continuar avaliando a transmissibilidade, a gravidade, o risco de reinfeção 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 novas variantes, cuja abrangência e importância para a saúde pública exigem mais investigação epidemiológica e laboratorial⁵.

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.

⁴ OMS. Variantes de SARS-CoV-2. Disponível em: <https://bit.ly/39hRyXT>

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>

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

Variante P.1, linhagem B.1.1.28

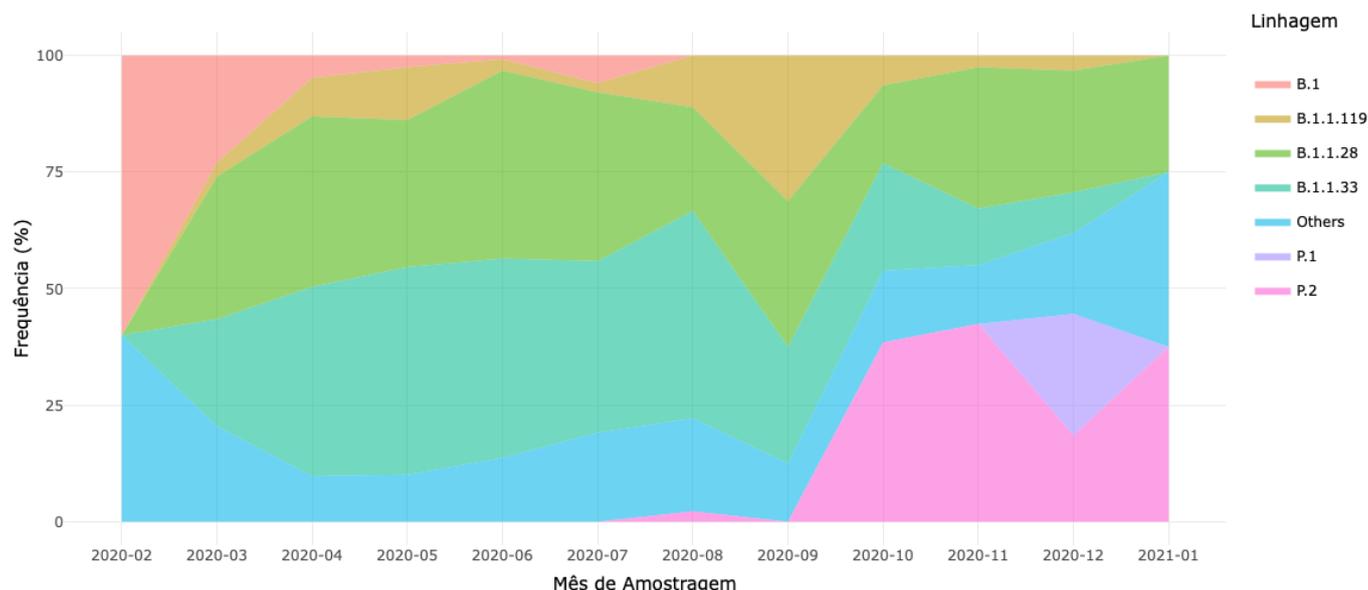
Em 9 de janeiro de 2021, o **Japão** notificou a OMS sobre uma nova variante do SARS-CoV-2, a B.1.1.28 (inicialmente relatada como B.1.1.248), detectada em quatro viajantes provenientes do Brasil. Essa variante não está proximoamente relacionada às variantes SARS-CoV-2 VOC 202012/01 e 501Y.V2, tendo sido identificada em dezembro de 2020 em Manaus, estado do Amazonas, Brasil⁸. (**Figuras 2 e 3**).

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 hospedeiro⁶.

De acordo com um grupo de pesquisadores do Brasil, foi observado um aumento recente na proporção de casos de P.1 em Manaus, Amazonas. A P.1 não foi detectada em Manaus entre março e novembro de 2020, porém 52,2% (n = 35/67) dos casos tipificados de SARS-CoV-2 em dezembro foram causados pela P.1 e, em janeiro de 2021, essa proporção aumentou para 85,4% (n = 41/48). Além disso, foi detectado um aumento na proporção de casos da variante P.2 em dezembro de 2020 para 25,4% (n = 17/67), mas com uma diminuição para 6% em janeiro de 2021. A frequência das outras linhagens diminuiu de 96,3%, entre março e novembro de 2020, para 8,3%, em janeiro de 2021.

As novas análises sugerem que os casos mais recentes em Manaus estão sendo causados pela transmissão local de P.1, embora a P.2⁹ e outras linhagens ainda podem estar circulando. Esses resultados devem ser considerados preliminares nessa fase. Serão necessários dados mais representativos para investigar mais detalhadamente as mudanças na frequência de P.1 em Manaus e em outros locais¹⁰.

Figura 2. Distribuição percentual das principais linhagens de SARS-CoV-2 por mês de amostra. Brasil, fevereiro de 2020 a janeiro de 2021.



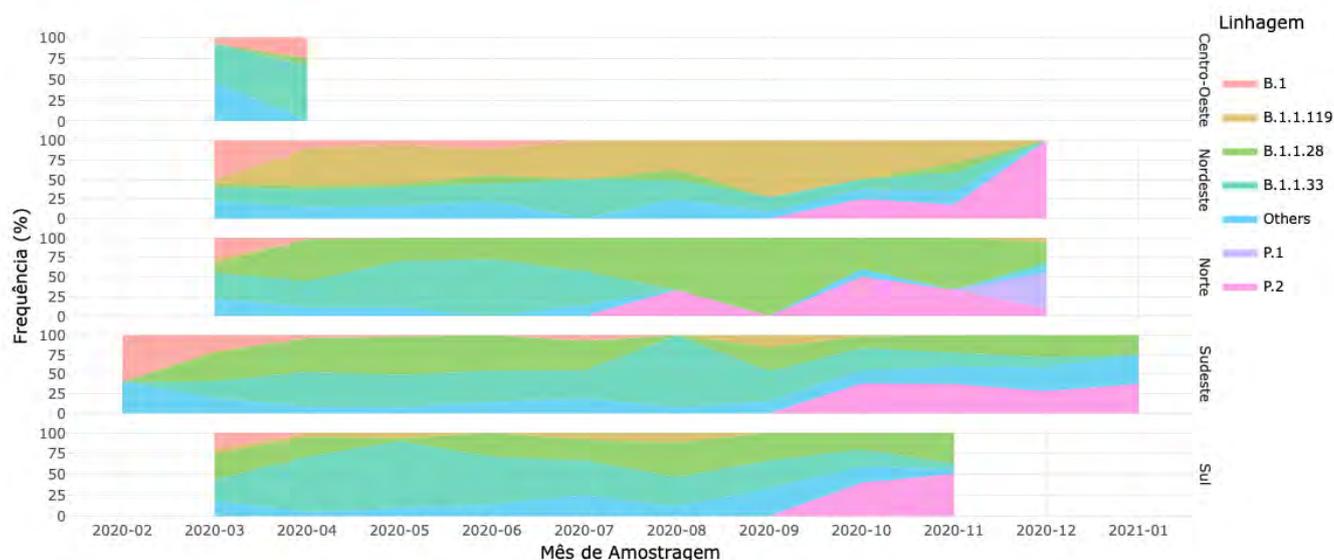
Fonte: Rede Genômica Fiocruz. Disponível em: <https://bit.ly/2YmCSjH>. Acessado em 26 de janeiro de 2021

⁸ Faria N, Morales I, Candido D. Genomic characterization of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings. Disponível em: <https://bit.ly/3a4n22X>

⁹ Voloch C, Da Silva F Jr R, de Almeida L, et al. Genomic characterization of a novel SARS-CoV-2 lineage from Rio de Janeiro, Brazil. Disponível em: <https://bit.ly/2KQEn6T>

¹⁰ Faria Nuno, Sabino Ester. Increasing frequency of the P.1 lineage in Manaus. Disponível em: <https://bit.ly/3ccOaiO>

Figura 3. Distribuição das principais linhagens de SARS-CoV-2, por mês de amostragem e estado na Região Norte do Brasil. Março a dezembro de 2020



Obs.:

Estados, Região Norte do Brasil

AC = Acre

AM = Amazonas

AP = Amapá

PA = Pará

RO = Rondônia

RR = Roraima

Fonte: Rede Genômica Fiocruz. Disponível em: <https://bit.ly/2YmCSjH>. Acessado em 26 de janeiro de 2021.

Até 25 de janeiro de 2021, oito países e territórios em três das seis regiões da OMS notificaram casos da variante P.1, linhagem B.1.1.28. Na Região das Américas, o Brasil e os Estados Unidos notificaram casos.

Variantes genéticas do SARS-CoV-2 nas Américas

Na Região das Américas, a Rede Regional de Vigilância Genômica de COVID-19^{11, 12} tem contribuído para a geração de dados de sequenciamento genômico. A rede está 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 sequenciar¹³.

Até 25 de janeiro de 2021, 32 países e territórios das Américas publicaram, na plataforma GISAID, 94.183 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.

¹¹ Rede Regional de Vigilância Genômica de COVID-19. Disponível em: <https://bit.ly/3bu0qez>

¹² 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".

¹³ OPAS/OMS. Nota técnica: Caracterização genômica do SARS-CoV-2 e variantes circulantes na Região das Américas. Disponível em: <https://bit.ly/3i4klf>

Até 25 de janeiro de 2021, 14 países (quatro países a mais em relação à publicação de 20 de janeiro de 2021³) notificaram a detecção da variante VOC 202012/01, da variante 501Y.V2 e da variante P.1. Além disso, dois países notificaram a detecção de mutações de potencial interesse para a saúde pública (**Tabela 2**).

Tabela 2. Detecção das variantes SARS-CoV-2 VOC 202012/01, 501Y.V2, P.1 e outras mutações de interesse para a saúde pública na Região das Américas, em 25 de janeiro de 2021

País	VOC 202012/01	501Y.V2	P.1	Outras mutações de potencial interesse para a saúde pública
Argentina	Sim	Não	Não	Não
Brasil	Sim	Não	Sim	Sim (E484K, K417N)
Canadá	Sim	Sim	Não	Não
Chile	Sim	Não	Não	Não
Cuba	Não	Sim	Não	Não
Equador	Sim	Não	Não	Não
Estados Unidos da América	Sim	Não	Sim	Sim (L452R)
Jamaica	Sim	Não	Não	Não
México	Sim	Não	Não	Não
Panamá	Não	Sim	Não	Não
Peru	Sim	Não	Não	Não
República Dominicana	Sim	Não	Não	Não
Santa Lucia	Sim	Não	Não	Não
Trindade e Tobago	Sim	Não	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.

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 da COVID-19, por meio da vigilância epidemiológica em andamento e dos testes estratégicos; realizar investigações de surtos e busca de contatos; e, quando adequado, 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 em saúde pública (VOC 202012/01 e 501Y.V2) foram identificadas nas Américas. A frequência de detecção dessas variantes ainda é muito limitada até o momento. Porém, espera-se 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 para que cada país realize 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 20212/01 e 501Y. V2, P.1 e de todas aquelas com potencial impacto na saúde pública, 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 significativas 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 recente¹⁴, 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 alimentos, medicamentos e combustível) identificadas pelos países sempre devem ser priorizadas e facilitadas.

Adicionalmente, a OPAS/OMS mantém as recomendações publicadas por meio dos Alertas e Atualizações Epidemiológicas 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.

¹⁴ 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://bit.ly/3sQ74BU>

<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/3i8lJIR</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/2LgllNX</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/38ulAr0>
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. Ministério da Saúde de Cuba. Disponível em: <https://bit.ly/3ofC5M7>
6. Centros de Controle e Prevenção de Doenças dos **Estados Unidos da América**. Casos de COVID-19 nos EUA causados por variantes. Disponível em inglês em: <https://bit.ly/2XvvqCC>
7. Departamento de Saúde de Minnesota (**Estados Unidos**) Disponível em: <https://bit.ly/3pmXVyD>
8. Ministério da Saúde do **Panamá**. Disponível em: <https://bit.ly/3qPTyfJ>
9. Ministério da Saúde e Bem-Estar de **Santa Lucia**. Disponível em: <https://bit.ly/39fDEpa>
10. Relatório do Centro Nacional de Enlace (CNE) para o Regulamento Sanitário Internacional (RSI) de **Trindade e Tobago**, recebido por e-mail pela OPAS/OMS.
11. 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 inglês em: <https://bit.ly/3qBbmuV>
12. 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>
13. 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>