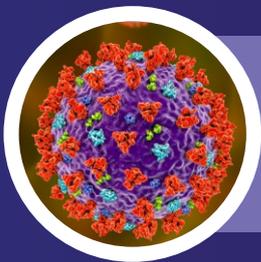


SECRETARIA DE ESTADO DE SAÚDE  
FUNDAÇÃO DE VIGILÂNCIA EM SAÚDE DO AMAZONAS -  
DRA. ROSEMARY COSTA PINTO  
INSTITUTO LEÔNIDAS & MARIA DEANE (ILMD/FIOCRUZ AMAZÔNIA)



**VIGILÂNCIA  
GENÔMICA DO  
SARS-COV-2  
NO ESTADO  
DO AMAZONAS**

ANO 01 - Nº 02  
14/09/2021



# VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-CoV-2 NO ESTADO DO AMAZONAS, 2021

## I. VIGILÂNCIA GENÔMICA E MONITORAMENTO DAS VARIANTES DO SARS-COV-2

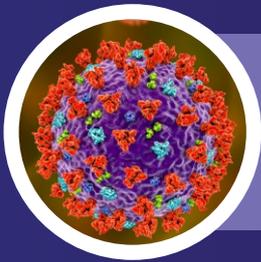
### CONCEITOS GERAIS

O processo evolutivo é um evento natural e esperado para qualquer patógeno, em especial os vírus de genoma RNA, como é o caso do SARS-CoV-2. Isto acontece em virtude de mutações durante o processo de replicação do material genético, onde na maioria dos vírus RNA não há processo de correção. Dada a evolução genética do SARS-CoV-2, grupos de pesquisadores desenvolveram sistemas para a classificação das linhagens, entre eles o Pangolin (*Phylogenetic assignment of named global outbreak lineages*), no qual são agrupadas as diversas variantes.

Apesar de a maioria das mutações encontradas nas diferentes linhagens circulantes atualmente não ter impacto significativo na disseminação do vírus, algumas estão sob vigilância em todo o mundo, a fim de compreender o seu papel, quanto ao aumento significativo de transmissibilidade e patogenicidade, e por consequência, o impacto nos sistemas de saúde com a elevação das taxas de hospitalização.

Acompanhar as mudanças na sequência genética do vírus é fundamental para rastrear suas mutações, entender a evolução da epidemia e discutir as possibilidades de contenção da infecção. Este monitoramento recebe o nome de vigilância genômica (VG).

A VG de vírus respiratórios foi fortalecida no Brasil no ano 2000, através dos Centros Nacionais de Influenza (da sigla em inglês, NIC), presentes no Instituto Oswaldo Cruz (IOC/Fiocruz/RJ), Instituto Adolfo Lutz (IAL/SP) e Instituto Evandro Chagas (IEC/PA). Atentos à pandemia de COVID-19, os NIC começaram a receber amostras para sequenciamento do SARS-CoV-2 já em março de 2020. Com o objetivo de fortalecer ainda mais a vigilância genômica em território nacional, outros laboratórios públicos e privados também começaram a realizar sequenciamento. O ILMD/Fiocruz Amazônia vem realizando a vigilância genômica de SARS-CoV-2 dos estados do Amazonas, Mato Grosso do Sul, Rondônia e Roraima. Por meio de informações como o número de acúmulo de mutações, identificação de cadeias de transmissões locais e monitoramento da taxa de transmissão, a VG é capaz de monitorar e entender melhor as mutações que ocorrem naturalmente nos vírus e tem sido fundamental para as decisões dos gestores frente aos inúmeros desafios para a contenção da Pandemia de COVID-19.



# VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-CoV-2 NO ESTADO DO AMAZONAS, 2021

## II. VIGILÂNCIA GENÔMICA NO MUNDO

Os vírus sofrem frequentes mutações em seu material genético, ocorridos devido à microevolução e pressões seletivas que podem o distinguir em diferentes grupos genéticos, chamados de variantes. A maioria das mudanças ocorridas nos vírus podem não ter impacto significativo em suas propriedades. Contudo, algumas modificações genéticas podem representar um risco para a saúde global, sendo esses vírus considerados como Variantes de Interesse (VOI) ou Variantes de Preocupação (VOC), dependendo do impacto epidemiológico.

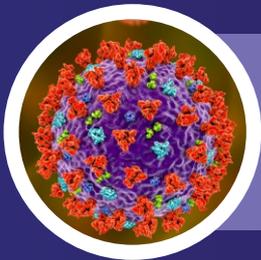
As VOI são denominadas assim quando as mutações ocorridas alteram seu fenótipo, podendo ser responsável na transmissão comunitária, seja de vários casos ou agrupamentos de casos (clusters), ter sido detectado em vários países ou ser designada pela OMS por pesquisadores de Grupo de Trabalho de Evolução do SARS-CoV-2 (**Tabela 1**).

**Tabela 1.** VOI classificadas pela Organização Mundial da Saúde.

Nome dado pela OMS	Linhagem Pango	Clado GISAID	Clado Nextstrain	Amostras documentadas	Data da designação
Eta	B.1.525	G/484K.V3	21D	Vários países, Dez-2020	17-Mar-2021
Iota	B.1.526	GH/253G.V1	21F	EUA, Nov-2020	24-Mar-2021
Kappa	B.1.617.1	G/452R.V3	21B	Índia, Out-2020	4-Abr-2021
Lambda	C.37	GR/452Q.V1	21G	Peru, Dez-2020	14-Jun-2021
Mu	B.1.621	GH	21H	Colômbia, Jan-2021	30-Ago-2021

Fonte: OMS (02/09/2021).

Recentemente, a OMS classificou como VOI uma variante do coronavírus que foi identificada pela primeira vez na Colômbia e batizada como "Mu" (B.1.621). Esta variante apresentou várias mutações que indicam potencial de aumento de transmissão e eventual risco de escape imunológico. Em relação a sua distribuição, foram registrados casos esporádicos em países da América do Sul como a Colômbia (39%) e Equador (13%). Apesar disso, a prevalência global desta variante ainda está abaixo de 0,1%, embora segundo a OMS, isto ainda tenha que ser analisado com cautela.



# VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-CoV-2 NO ESTADO DO AMAZONAS, 2021

As VOC atendem a esta definição devido a suas mutações estarem associadas a alterações que causem um grau de significância no sentido de aumento da transmissibilidade ou alteração prejudicial na epidemiologia da COVID-19 ou aumento na virulência/mudança clínica da doença ou a diminuição da eficácia das medidas sociais e de saúde pública, diagnósticos, vacinas e terapias disponíveis (**Tabela 2**).

**Tabela 2.** VOC classificadas pela Organização Mundial da Saúde.

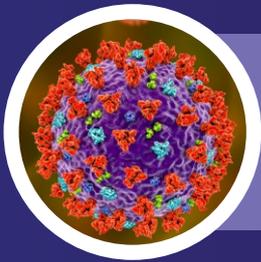
Nome dado pela OMS	Linhagem Pango	Clado GISAID	Clado Nextstrain	Amostras documentadas	Data da designação
Alpha	B.1.1.7	GRY	20I (V1)	+S:484K +S:452R	Reino Unido, Set-2020
Beta	B.1.351	GH/501Y.V2	20H (V2)	+S:L18F	África do Sul, Maio-2020
Gamma	P.1	GR/501Y.V3	20J (V3)	+S:681H	Brasil, Nov-2020
Delta	B.1.617.2	G/478K.V1	21A	+S:417N	Índia, Out-2020

Fonte: OMS (02/09/2021).

O grupo de trabalho da OMS sobre a evolução das linhagens das variantes do vírus SARS-CoV-2, designou a VOI Delta (B.1.617) como VOC, devido ao potencial de relevantes mutações e pelo fato de estar sendo identificada globalmente. Observa-se, por meio das sequências depositadas no GISAID, a variante de linhagem B.1.617 sendo identificada em todas as seis regiões da OMS. Embora essa linhagem já tenha outras três sublinhagens (B.1.617.1, B.1.617.2 e B.1.617.3) e que sugerem distintas situações de transmissibilidade, ainda são escassas as informações sobre suas diferenças.

### III. VIGILÂNCIA GENÔMICA NO BRASIL

No Brasil, a Secretaria de Vigilância em Saúde (SVS) do Ministério da Saúde (MS) realiza levantamento semanal com as Secretarias Estaduais de Saúde, sobre os resultados liberados dos sequenciamentos genéticos informados pela rede laboratorial de referência. Segundo o Boletim Epidemiológico Especial - MS, n.79, de 10 de setembro de 2021, foram registrados 19.561 casos da Covid-19 por VOC e suas respectivas sublinhagens, identificadas e informadas nos 27 estados do Brasil, sendo: 18.484 (83,19%) da VOC Gama – em todas os estados; 3.290 (14,80%) casos da VOC Delta – identificados em 20 estados; 440 (1,99%) da VOC Alpha (e suas sublinhagens) – identificados em 17 estados e 4 (0,02%) casos da VOC Beta – identificados em São Paulo e na Bahia.



## VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-CoV-2 NO ESTADO DO AMAZONAS, 2021

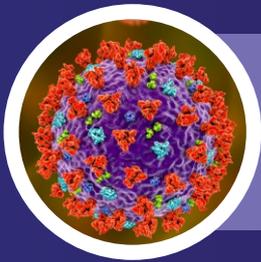
Considerando que o sequenciamento genômico está sendo realizado tanto pelos laboratórios do país, quanto por outros que não pertencem à Rede Nacional de Laboratórios de Saúde Pública, muitos resultados podem ter sido notificados apenas aos municípios ou estados ou, até mesmo, ainda não terem sido notificados a nenhum ente do Sistema Único de Saúde, tendo sido apenas depositados em sites abertos de sequenciamento genômico. No entanto, tem sido notado um incremento importante, nos registros dos casos de VOC, o que está diretamente relacionado ao fortalecimento da capacidade laboratorial e metodológica no desenvolvimento de sequenciamento de amostras do SARS-CoV-2.

As Secretarias Estaduais de Saúde, juntamente com as Secretarias Municipais de Saúde, realizam a investigação epidemiológica dos casos de VOC, procurando identificar os vínculos epidemiológicos. Em todas as VOC identificadas no país, mais de 80% dos casos investigados estavam sem vínculo com a área de circulação, e de 3 a 6% eram casos importados, provenientes de locais com circulação ou de casos que tiveram vínculo com alguém que esteve nessa área de circulação.

A VOC Gama é atualmente a VOC com circulação predominante no país, tendo sido identificada em todos os estados, com a maior taxa de incidência (por 100 mil hab.) em São Paulo com 3.356 casos seguida por Goiás com 1.677 casos e depois do Amazonas com 1.672 casos.

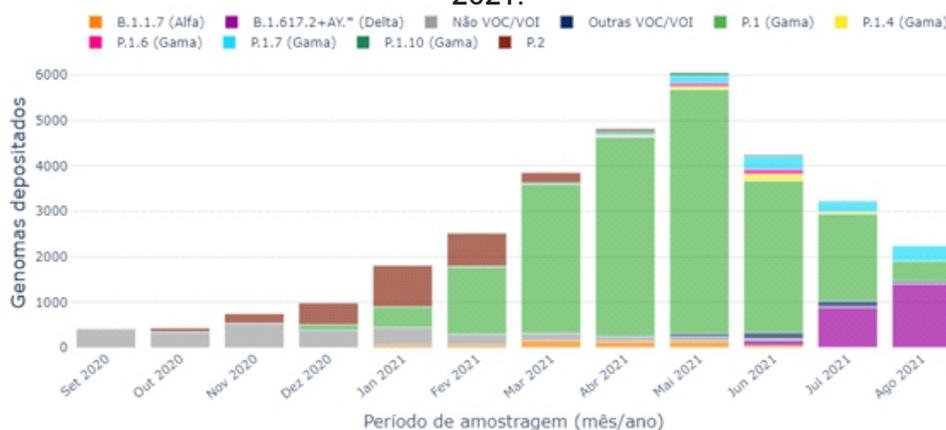
De acordo com os dados disponíveis no site da Rede Genômica Fiocruz, já foram realizados 34.582 sequenciamentos do genoma do SARS-CoV-2 no Brasil, sendo São Paulo o estado com o maior número de amostras sequenciadas, com um total de 12.379, seguido pelo Rio de Janeiro, com 5.835, e Goiás com 2.212. No Amazonas foram sequenciados 1.979 genomas entre março de 2020 e agosto de 2021. Esses dados também são registrados na plataforma GISAID, iniciativa internacional de acesso aberto a informações sobre genomas de vírus influenza e coronavírus.

Segundo a Rede Genômica Fiocruz, a P.1 (Gama) é a linhagem com maior frequência, apresentando 66% (22.950) dos genomas. No entanto, no último mês (agosto/2021), 62,4% dos genomas sequenciados são da variante B.1.617.2+AY (Delta) **(Figura 1)**. Cabe destaque que essa amostragem pode não ser representativa, visto que vários LACENs vem utilizando protocolos de inferência por PCR em tempo real para direcionar os esforços de sequenciamento.



# VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-CoV-2 NO ESTADO DO AMAZONAS, 2021

**Figura 1.** Variantes de Preocupação (VOCs) e de Interesse (VOIs) relevantes no Brasil, 2020 a 2021.



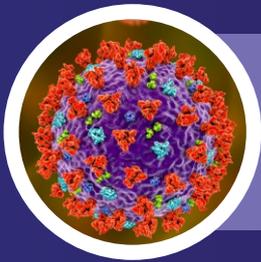
Fonte: Rede Genômica Fiocruz (08/09/2021).

## IV. VIGILÂNCIA GENÔMICA NO AMAZONAS

Em relação a VG no estado do Amazonas, é importante esclarecer que a Fundação de Vigilância em Saúde Dra. Rosemary Costa Pinto FVS-RCP vem atuando em conformidade com as recomendações contidas nas Diretrizes do Ministério da Saúde para o enfrentamento da pandemia da COVID-19 e vem seguindo as notas técnicas e protocolos estabelecidos. O diagnóstico de COVID-19 no Estado bem como o monitoramento genético do SARS-CoV-2 é realizado por meio do envio de amostras de secreção de nasofaringe a partir de casos suspeitos de COVID-19 disponibilizados para os 62 municípios.

O Amazonas possui uma rede de diagnóstico molecular para COVID-19 coordenado pelo Laboratório Central de Saúde Pública do Amazonas (LACEN). A rede de laboratórios de referência é composto pelo Instituto Leônidas & Maria Deane (ILMD/Fiocruz Amazônia), além do laboratório da Fundação de Medicina Tropical Heito Vieira Dourado (FMT-HVD) e da Universidade Federal do Amazonas (UFAM) e é responsável pela realização dos exames moleculares para identificação do SARS-CoV-2 por Reação em Cadeia da Polimerase em Tempo Real (RT PCR), a partir de critérios clínicos.

A Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 no Amazonas é realizada pelo ILMD/Fiocruz Amazônia e vem sendo feita desde março de 2020. Diferente do encontrado no restante do país que aponta a B.1.1.28 e B.1.1.33 como predominante até o final de 2020 (<http://www.genomahcov.fiocruz.br>), a VG do Amazonas mostraram a linhagem B.1.195 como dominante na primeira curva epidêmica. Interessante notar que essa mesma linhagem foi pouco encontrada em outros estados brasileiros.



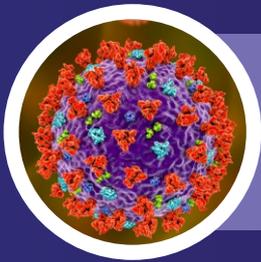
## VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-CoV-2 NO ESTADO DO AMAZONAS, 2021

Destaca-se também a detecção de duas das três VOCs, denominadas P.1 e B.1.1.7, em ordem cronológica. A primeira foi detectada ainda na primeira fase da epidemia no Amazonas, sendo que a linhagem B.1.1.28, cujo clado (denominado AM-II) deu origem à nova VOC Gamma (P.1) detectada entre o final de novembro e a primeira semana de dezembro de 2020.

Sobre isto, em 9 de janeiro de 2021, a VOC Gamma (P.1) foi identificada no Japão, entre viajantes que estiveram em Manaus/AM (Fujino et al., 2021), sendo encontrada logo em seguida, em amostras de pacientes coletadas a partir de dezembro de 2020 na capital. No Amazonas, os primeiros casos de P.1 foram notificados ao Centro de Informações Estratégicas em Vigilância em Saúde Nacional (CIEVS) - conforme os protocolos de emergência em saúde pública do Ministério da Saúde. Nos estudos conduzidos pelo ILMD/Fiocruz Amazônia, a P.1 se mostrou até duas vezes mais transmissível que as outras variantes em circulação, o que é, provavelmente, uma consequência das diversas mutações em seu genoma, em especial no domínio RBD da proteína Spike, e de uma maior carga viral nos indivíduos infectados, quando comparados aos infectados por outras variantes (Naveca et al., 2021).

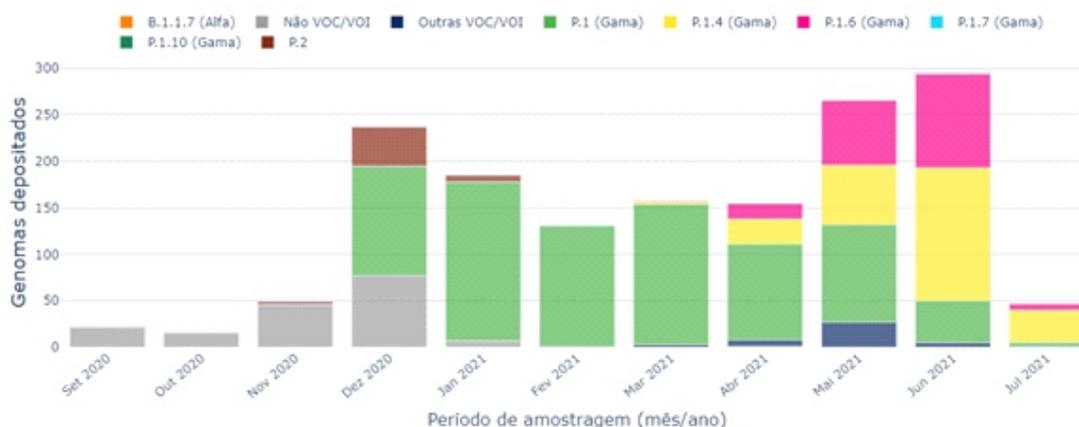
A outra VOC encontrada em Manaus, B.1.1.7, teve sua origem no Reino Unido (Rambaut et al., 2020) e foi encontrada em um caso de um paciente oriundo de São Paulo que estava prestando serviços no pólo industrial do Amazonas e identificado a partir da VG. Como parte da estratégia de vigilância e contenção dos casos, a FVS-AM rastreou 21 contatos desse paciente, os quais foram testados no ILMD/Fiocruz Amazônia, sendo nenhum detectável para o SARS-CoV-2. Esse resultado leva à conclusão de que não deve ter havido disseminação da linhagem B.1.1.7 no Amazonas por este caso índice.

Durante os 10 primeiros meses da VG no AM (março de 2020 - janeiro de 2021) foram gerados e analisados 250 genomas no SARS-CoV-2. Os dados obtidos desse estudo levaram à conclusão de que a primeira onda foi dominada pela linhagem B.1.195, com pouca circulação em outros estados brasileiros, sendo posteriormente substituída pela B.1.1.28 como linhagem predominante, até final de dezembro de 2020 quando a P.1 passa a ser a linhagem principal no Amazonas (**Figura 2**).



## VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-CoV-2 NO ESTADO DO AMAZONAS, 2021

**Figura 2.** Variantes de Preocupação (VOCs) e de Interesse (VOIs) relevantes encontradas em 1.670 genomas do SARS-CoV-2 obtidas de pacientes do Amazonas, de 2020 a 2021.

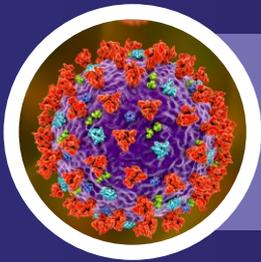


**Fonte:** Rede Genômica Fiocruz (08/09/2021).

Em março de 2021 duas linhagens foram descritas pela Rede Fiocruz de VG, a partir de evoluções da Linhagem B.1.1.33, denominadas de N.9 e N.10. No que tange a VG, os resultados do ILMD/Fiocruz Amazônia, em parceria com a FVS-RCP, caracterizaram amostras provenientes de 29 municípios do AM (Anamá, Anori, Autazes, Barreirinha, Boca do Acre, Caapiranga, Carauari, Careiro, Iranduba, Itacoatiara, Jutáí, Lábrea, Manacapuru, Manaquiri, Manaus, Manicoré, Maués, Nova Olinda do Norte, Parintins, Presidente Figueiredo, Rio Preto da Eva, Santa Isabel do Rio Negro, Santo Antônio do Iça, São Gabriel da Cachoeira, Tabatinga, Tapauá, Tefé, Urucará e Urucurituba) nas quais foram identificadas 14 linhagens (A.2; B.1.1; B.1.1.7; B.1.1.28; B.1.1.33; B.1.1.378; B.1.111; B.1.195; B.1.212; B.1.258; N.1; N.9. P.1 e P.2), de acordo com o sistema PANGO (Rambaut et al., 2021).

Mais recentemente, no dia 09 de setembro de 2021, o CIEVS Nacional recebeu a notificação de dois casos confirmados da VOI Mu (B.1.621), no município de Tabatinga, Amazonas. O ILMD/Fiocruz Amazônia notificou esses casos à FVS-RCP em 08 de setembro de 2021. Os resultados foram obtidos a partir de amostras coletadas pela Fiocruz no porto do município de Tabatinga e pelo laboratório de fronteira (LAFRON), vinculado à FVS-RCP. Dentre as amostras positivas, 14 foram sequenciadas, sendo 02 casos confirmados da variante Mu e 12 da variante Gamma.

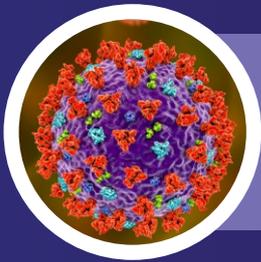
O perfil dos pacientes confirmados para a variante Mu foi sexo feminino com 73 anos de idade e uma criança do sexo masculino de 10 anos. Ambos os pacientes possuem parentes residentes em Letícia, na Colômbia. A Vigilância epidemiológica realizou a investigação dos casos por meio de rastreamento de todos os contatos dos casos confirmados incluindo a coleta de RT-PCR para identificação de possíveis novos casos.



## VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-CoV-2 NO ESTADO DO AMAZONAS, 2021

Vale destacar que ao longo da pandemia houve incremento da capacidade de geração e análise de dados genômicos no ILMD/Fiocruz Amazônia devido a aportes de recursos de diferentes órgãos públicos e privados e hoje esta capacidade chega a até 1008 genomas semanais. A VG continua sendo realizada, inclusive no estudo de antecipação da vacina contra COVID-19 (COVAC Manaus <https://www.ipccb.org/covacmanaus>) a equipe do ILMD/Fiocruz Amazônia está realizando a caracterização genética das linhagens do SARS-CoV-2 em pacientes que foram infectados mesmo após a segunda dose da vacina.

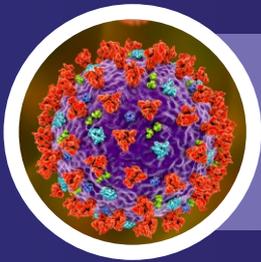
Concluimos que a VG realizada pelo ILMD/Fiocruz Amazônia, em parceria com a FVS-RCP, contribuiu para: I) o entendimento da dinâmica de transmissão do SARS-CoV-2 no Amazonas, em especial a disseminação de P.1; II) o desenvolvimento de uma ferramenta mais rápida para a triagem das VOCS, em uso por 29 países das Américas; III) A detecção precoce da VOC B.1.1.7 e da VOI B.1.621 no Amazonas.



# VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-CoV-2 NO ESTADO DO AMAZONAS, 2021

## REFERÊNCIAS

1. Nascimento VAD, Corado ALG, Nascimento FOD, Costa ÁKAD, Duarte DCG, Luz SLB, Gonçalves LMF, Jesus MS, Costa CFD, Delatorre E, Naveca FG. Genomic and phylogenetic characterisation of an imported case of SARS-CoV-2 in Amazonas State, Brazil. *Mem Inst Oswaldo Cruz*. 2020 Sep 25;115:e200310. doi: 10.1590/0074-02760200310. PMID: 32997001; PMCID: PMC7523504.
2. Rambaut A, Holmes EC, O'Toole Á, Hill V, McCrone JT, Ruis C, du Plessis L, Pybus OG. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol*. 2020 Nov;5(11):1403-1407. doi: 10.1038/s41564-020-0770-5. Epub 2020 Jul 15. PMID: 32669681; PMCID: PMC7610519.
3. Fujino T, Nomoto H, Kutsuna S, Ujiie M, Suzuki T, Sato R, Fujimoto T, Kuroda M, Wakita T, Ohmagari N. Novel SARS-CoV-2 Variant in Travelers from Brazil to Japan. *Emerg Infect Dis*. 2021 Apr;27(4):1243-5. doi: 10.3201/eid2704.210138. Epub 2021 Feb 10. PMID: 33567247; PMCID: PMC8007308.
4. Naveca FG, Nascimento V, de Souza VC, Corado AL, Nascimento F, Silva G, Costa Á, Duarte D, Pessoa K, Mejía M, Brandão MJ, Jesus M, Gonçalves L, da Costa CF, Sampaio V, Barros D, Silva M, Mattos T, Pontes G, Abdalla L, Santos JH, Arantes I, Dezordi FZ, Siqueira MM, Wallau GL, Resende PC, Delatorre E, Gräf T, Bello G. COVID-19 in Amazonas, Brazil, was driven by the persistence of endemic lineages and P.1 emergence. *Nat Med*. 2021 May 25. doi: 10.1038/s41591-021-01378-7. Epub ahead of print. PMID: 34035535.
5. Fiocruz. Rede Genômica. Dashboard: Vigilância genômica do Sars-Cov-2 no Brasil. Disponível em: < <http://www.genomahcov.fiocruz.br/dashboard/>>.
6. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. BOLETIM EPIDEMIOLÓGICO ESPECIAL. Doença pelo Novo Coronavírus – COVID-19, n. 79, Semana Epidemiológica 35 29/8 a 4/9/2021.
7. Organização Pan-Americana da Saúde. Orientação para a seleção de amostras de SARS-CoV-2 para caracterização e vigilância genômica. 9 de fevereiro de 2021. Disponível em <https://www.paho.org/pt/documentos/orientacao-para-selecao-amostras-sars-cov-2-para-caracterizacao-e-vigilancia-genomica>.



# VIGILÂNCIA GENÔMICA DO SARS-CoV-2 NO ESTADO DO AMAZONAS, 2021

## EXPEDIENTE

### **Boletim Epidemiológico**

Secretaria de Estado de Saúde  
Assessoria de Análise de Situação de Saúde  
Fundação de Vigilância em Saúde do  
Amazonas - Dra. Rosemary Costa Pinto

### **Equipe de elaboração**

*Secretário de Estado de Saúde SES-AM*  
Dr. Anoar Abdul Samad

*Diretor Presidente da FVS-RCP*  
Cristiano Fernandes da Costa

*Diretora Técnico da FVS-RCP*  
Tatyana Costa Amorim Ramos

*Sala de Análise de Situação de Saúde  
(Astec/SASS)*  
Daniel Barros de Castro, Leíse Gomes  
Fernandes, Megumi Sadahiro, Vanderson  
Sampaio, Wagner C. Morhy Terrazas e Erian  
de Almeida Santos

*Núcleo de Sistemas de Informações (Nusi)*  
Ana Alzira Cabrinha, Alexandre Coelho de  
Araújo e Núbia Maria Cardoso de Lima

*Departamento de Vigilância Epidemiológica  
(DVE)*  
Leila Cristina Ferreira da Silva, Andréia Pires e  
Ângela Desirée Carepa Santos da Silva

*Departamento de Vigilância Ambiental (DVA)*  
Elder Augusto Guimarães Figueira, Jaidson  
Nandi Becker, Laudelino Oliveira Dinelly, Eleny  
da Silva Pereira, Emily Marcelle Soares Silva

*In Memoriam*

*Rosemary Costa Pinto*

### **ILMD/Fiocruz Amazônia**

*Diretora do ILMD/Fiocruz Amazônia*  
Adele Schwartz Benzaken

### **Laboratório de Vigilância Genômica de SARS-CoV-2**

*Felipe Gomes Naveca, André Corado,  
Fernanda Nascimento, George Silva, Karina  
Pinheiro, Luciana Gonçalves, Maria Júlia  
Brandão, Matilde Contreras, Valdinete  
Nascimento e Victor Souza*

### **Projeto Gráfico e Distribuição Eletrônica**

*Assessoria de Comunicação da FVS-RCP*  
Maíra Pessoa Fragoso e Eduardo Prado

**Felipe Gomes Naveca**  
Vice-Diretor do ILMD/Fiocruz Amazônia

**Cristiano Fernandes da Costa**  
Diretor Presidente da FVS-RCP



Ministério da Saúde  
**FIOCRUZ**  
Fundação Oswaldo Cruz



**ILMD** INSTITUTO LEONIDAS  
& MARIA DEANE  
Fiocruz Amazônia



FUNDAÇÃO DE  
VIGILÂNCIA EM SAÚDE DO AMAZONAS -  
DRA. ROSEMARY COSTA PINTO

Secretaria de  
**Saúde**



**AMAZONAS**  
GOVERNO DO ESTADO

**OPAS**



Organização  
Pan-Americana  
da Saúde



Organização  
Mundial da Saúde  
World Health Organization