

**ONDAS EPIDÊMICAS DE
COVID-19 E A EMERGÊNCIA
DE VARIANTES DE
PREOCUPAÇÃO (VOCS) NO
BRASIL: UMA REVISÃO
BIBLIOGRÁFICA DA
DINÂMICA VIRAL E SUA
INFLUÊNCIA NA
GRAVIDADE DA DOENÇA**

**EPIDEMIC WAVES OF COVID-19 AND THE EMERGENCE OF VARIANTS OF
CONCERN (VOCS) IN BRAZIL: A BIBLIOGRAPHIC REVIEW OF VIRAL
DYNAMICS AND THEIR INFLUENCE ON DISEASE SEVERITY**

Ciências Biológicas, Ciências da Saúde • 10/07/2026

REGISTRO DOI: [10.70773/revistatopicos/783295162](https://doi.org/10.70773/revistatopicos/783295162)

Elcione Rodrigues Feitosa
Khimberly Rose Ferreira marques
Micicleia Pereira da Cunha
Luiz Fellype Alves de Souza

RESUMO

Introdução: A pandemia de COVID-19 configurou-se como um dos maiores desafios sanitários do século XXI, marcada por sucessivas ondas epidêmicas influenciadas pela evolução genética do SARS-CoV-2 e pela emergência de variantes de preocupação (VOCs). No Brasil, esse processo ocorreu de forma heterogênea, refletindo desigualdades socioespaciais, diferenças regionais e limitações estruturais do sistema de saúde. **Objetivo:** Analisar as ondas epidêmicas de COVID-19 e a emergência das variantes de preocupação no Brasil, considerando a dinâmica viral, a disseminação das VOCs e seus impactos sobre a gravidade clínica da doença. **Método:** Pesquisa bibliográfica com abordagem qualitativa e elementos quantitativos descritivos, desenvolvida a partir de artigos científicos, dissertações, teses e documentos técnicos publicados entre 2020 e 2025, selecionados em bases nacionais e internacionais. Foram incluídos estudos que abordassem transmissão, evolução viral, vacinação, vigilância genômica e impactos epidemiológicos. **Resultados:** As evidências apontam que as ondas epidêmicas brasileiras foram influenciadas pela substituição de linhagens virais, especialmente pela predominância das variantes Gama, Delta e Ômicron, cujas mutações modificaram a transmissibilidade e a severidade clínica da COVID-19. Observou-se também que fatores como mobilidade urbana, densidade populacional, desigualdades regionais e hesitação vacinal contribuíram para intensificar a disseminação viral. A vacinação emergiu como elemento fundamental no controle da pandemia, reduzindo hospitalizações, gravidade clínica e mortalidade, especialmente a partir de 2021, quando houve expansão da cobertura vacinal e reforço das medidas de contenção. A vigilância genômica mostrou-se essencial para identificar rapidamente novas variantes, orientar estratégias de diagnóstico e apoiar intervenções

de saúde pública. **Conclusão:** A dinâmica das ondas epidêmicas no Brasil decorreu da interação entre evolução viral, fatores epidemiológicos e condições sociais, sendo mitigada pela vacinação e pelas medidas preventivas. A análise da literatura evidencia que o fortalecimento da vigilância, da pesquisa biomédica e das políticas de imunização é indispensável para responder de maneira eficaz a futuras emergências sanitárias, reforçando a importância da ciência como instrumento para a proteção da vida e o aprimoramento do sistema de saúde.

Palavras-chave: covid-19; epidemiologia; genômica; SARS-CoV-2; vacinação.

ABSTRACT

Introduction: The COVID-19 pandemic has been one of the greatest health challenges of the 21st century, marked by successive epidemic waves influenced by the genetic evolution of SARS-CoV-2 and the emergence of variants of concern (VOCs). In Brazil, this process occurred heterogeneously, reflecting socio-spatial inequalities, regional differences, and structural limitations of the health system. **Objective:** To analyze the epidemic waves of COVID-19 and the emergence of variants of concern in Brazil, considering viral dynamics, the dissemination of VOCs, and their impacts on the clinical severity of the disease. **Method:** Bibliographic research with a qualitative approach and descriptive quantitative elements, developed from scientific articles, dissertations, theses, and technical documents published between 2020 and 2025, selected from national and international databases. Studies addressing transmission, viral evolution, vaccination, genomic surveillance, and epidemiological impacts were included. **Results:** Evidence suggests that Brazilian epidemic waves were influenced by the replacement of viral lineages, especially by the predominance of Gamma, Delta,

and Omicron variants, whose mutations modified the transmissibility and clinical severity of COVID-19. Factors such as urban mobility, population density, regional inequalities, and vaccine hesitancy also contributed to intensifying viral spread. Vaccination emerged as a fundamental element in controlling the pandemic, reducing hospitalizations, clinical severity, and mortality, especially from 2021 onwards, when there was an expansion of vaccination coverage and reinforcement of containment measures. Genomic surveillance proved essential for rapidly identifying new variants, guiding diagnostic strategies, and supporting public health interventions. **Conclusion:** The dynamics of epidemic waves in Brazil resulted from the interaction between viral evolution, epidemiological factors, and social conditions, and were mitigated by vaccination and preventive measures. Analysis of the literature shows that strengthening surveillance, biomedical research, and immunization policies is essential to respond effectively to future health emergencies, reinforcing the importance of science as an instrument for protecting life and improving the health system.

Keywords: COVID-19; epidemiology; genomics; SARS-CoV-2; vaccination.

INTRODUÇÃO

A pandemia da COVID-19, causada pelo SARS-CoV-2, configurou-se como um dos maiores desafios sanitários globais do século XXI. Desde sua identificação em dezembro de 2019, na cidade de Wuhan, China, o vírus demonstrou elevada capacidade de disseminação e adaptação, resultando em sucessivas ondas epidêmicas que afetaram profundamente os sistemas de saúde em todo o mundo, conforme descrito por Custódio e Benito (2022) e Moura et al. (2022).

No Brasil, o primeiro caso foi registrado em fevereiro de 2020 e, de acordo com Freitas (2024), o país rapidamente se tornou um dos epicentros da pandemia, apresentando altos índices de morbimortalidade relacionados à desigualdade no acesso aos serviços de saúde e à sobrecarga hospitalar.

O SARS-CoV-2 é um vírus de RNA de fita simples positiva, pertencente à família Coronaviridae e ao gênero Betacoronavirus. De acordo com Dias (2023), sua principal proteína estrutural, a spike (S), é responsável pela ligação ao receptor da enzima conversora de angiotensina tipo 2 (ACE2) nas células humanas, facilitando a entrada viral e determinando a infectividade e a virulência do patógeno.

A variabilidade genética dessa proteína, resultante de mutações acumuladas, foi determinante para o surgimento das chamadas variantes de preocupação (Variants of Concern – VOCs), classificadas pela Organização Mundial da Saúde conforme sua transmissibilidade, gravidade clínica e capacidade de escape imunológico (Lobo, 2022).

Entre as principais VOCs registradas no Brasil, destacam-se a Gama (P.1), identificada inicialmente em Manaus no final de 2020; a Delta (B.1.617.2), introduzida em 2021; e a Ômicron (B.1.1.529), detectada no país no final de 2021. De acordo com Dias (2023) e Custódio e Benito (2022), essas variantes foram responsáveis por diferentes ondas epidêmicas, apresentando perfis clínicos e epidemiológicos distintos.

Conforme Estevam (2024), a variante Gama esteve associada ao aumento da gravidade clínica e da mortalidade, principalmente

entre adultos jovens e não vacinados.

Delta, originária da Índia, foi marcada pela amplificação da transmissão comunitária em um contexto de avanço da vacinação (Lobo, 2022).

Por sua vez, a Ômicron, embora altamente transmissível e com escape parcial da imunidade vacinal, apresentou menor gravidade clínica e menor necessidade de hospitalização, o que reflete o impacto positivo da imunização (Estevam, 2024).

Do ponto de vista genético, conforme Lobo (2022), mutações específicas na proteína spike, como L452R, T478K e P681R, aumentaram a afinidade de ligação ao receptor ACE2, intensificando a infectividade e contribuindo para o escape imunológico.

Essas modificações contínuas no genoma viral impactaram diretamente o controle da pandemia, tornando a vigilância genômica uma ferramenta essencial para identificar precocemente novas variantes e monitorar a dinâmica viral (Dias, 2023).

De acordo com Freitas (2024), as estratégias de vigilância implantadas em estados como Minas Gerais, São Paulo e Ceará foram fundamentais para compreender a correlação entre a evolução genética do vírus, os desfechos clínicos e as diferentes ondas epidêmicas.

Segundo Moura et al. (2022), o padrão de sucessivas ondas epidêmicas reflete a interação complexa entre a evolução viral, as medidas de controle e a imunização populacional. A vacinação, iniciada no Brasil em janeiro de 2021, foi determinante para a redução da mortalidade observada a partir da segunda onda.

Conforme Estevam (2024), ao final de 2021 a cobertura vacinal nacional ultrapassava 70%, coincidindo com a queda das taxas de óbito, mesmo diante da rápida disseminação da variante Ômicron.

Além dos fatores virológicos, as desigualdades socioespaciais exerceram influência direta sobre o impacto da pandemia. De acordo com Santana (2025), foram identificados aglomerados espaciais de alta morbimortalidade nas regiões metropolitanas do Rio de Janeiro e de Salvador, associados à vulnerabilidade socioeconômica, à alta densidade populacional e ao limitado acesso aos serviços de saúde. Ainda segundo a autora, as ondas epidêmicas apresentaram intensidade desigual entre as capitais, com maior impacto em áreas urbanas de alta mobilidade e circulação de pessoas, padrão que caracteriza a difusão espacial de doenças respiratórias infecciosas.

A compreensão da dinâmica das ondas epidêmicas e da emergência das variantes de preocupação do SARS-CoV-2 representa um desafio científico e social de grande relevância. A cada nova linhagem viral identificada, emergem questões sobre a eficácia das vacinas, a gravidade clínica dos casos e a capacidade dos sistemas de saúde e de vigilância laboratorial de responder de forma rápida e eficiente. Nesse contexto, compreender os fatores que influenciaram a disseminação das variantes Gama, Delta e Ômicron no Brasil é essencial para fortalecer as estratégias de vigilância genômica e aprimorar o planejamento das ações em saúde pública.

A realização deste estudo justifica-se pela necessidade de sistematizar e analisar o conhecimento produzido sobre a evolução viral do SARS-CoV-2 e sua relação com a gravidade da COVID-19 ao

longo das diferentes ondas epidêmicas. Em um cenário no qual novas variantes continuam a surgir, torna-se imprescindível reunir e interpretar as evidências científicas disponíveis, de modo a subsidiar decisões clínicas, laboratoriais e políticas públicas mais assertivas.

Além disso, esta pesquisa se propõe a servir de base para futuras investigações que explorem a relação entre mutações virais, resposta imunológica e desfechos clínicos, contribuindo para o desenvolvimento de novas metodologias diagnósticas, estratégias de monitoramento e aprimoramento das práticas biomédicas voltadas ao controle de infecções virais emergentes.

A relevância deste estudo transcende o momento histórico da pandemia, uma vez que o conhecimento gerado sobre as ondas epidêmicas e as variantes de preocupação poderá ser aplicado a futuras crises sanitárias. Ao compreender os mecanismos que moldaram a evolução da COVID-19 no Brasil, torna-se possível fortalecer a capacidade de resposta do sistema de vigilância em saúde, promover a integração entre pesquisa e diagnóstico laboratorial e reafirmar o papel da Biomedicina como ciência essencial na construção de soluções baseadas em evidências.

Diante desse panorama, este estudo tem como objetivo analisar as ondas epidêmicas da COVID-19 e a emergência das variantes de preocupação (VOCs) no Brasil, compreendendo a dinâmica viral, as mutações genéticas do SARS-CoV-2 e suas implicações sobre a gravidade clínica da doença. Busca-se identificar de que forma a evolução das variantes influenciou o comportamento epidemiológico e a morbimortalidade da COVID-19 no país, bem como discutir a importância da vigilância genômica e das estratégias laboratoriais e de imunização na contenção das ondas

sucessivas de contágio. Além disso, pretende-se refletir sobre a relevância científica da Biomedicina na resposta à pandemia, destacando sua contribuição no diagnóstico, no monitoramento e na compreensão molecular da doença.

MATERIAIS E MÉTODO

O presente estudo caracteriza-se como uma pesquisa bibliográfica, desenvolvida com abordagem qualitativa e elementos quantitativos descritivos. Essa metodologia foi escolhida por permitir a análise ampla e crítica das produções científicas que discutem a dinâmica viral do SARS-CoV-2, as ondas epidêmicas e o surgimento das variantes de preocupação (Variants of Concern – VOCs) no contexto brasileiro. O estudo busca compreender, de forma integrada, as evidências científicas sobre a evolução genômica do vírus e suas implicações na gravidade clínica da COVID-19, considerando aspectos epidemiológicos, laboratoriais e de vigilância em saúde.

A coleta das informações foi conduzida a partir de um levantamento sistemático de artigos científicos, dissertações, teses e documentos técnicos publicados entre 2020 e 2025, período que compreende o início e as principais ondas epidêmicas da COVID-19 no Brasil. Foram consultadas as bases de dados SciELO (Scientific Electronic Library Online), PubMed (US National Library of Medicine) e Google Acadêmico, além de revistas especializadas nas áreas de Saúde Coletiva, Epidemiologia, Virologia e Biomedicina.

Foram incluídas publicações escritas em português, disponíveis na íntegra, que abordassem a transmissão e a evolução do SARS-CoV-2, a ocorrência das ondas epidêmicas de COVID-19 e a disseminação das variantes Gama, Delta e Ômicron, bem como estudos voltados à

vigilância genômica e à análise da gravidade clínica associada a essas variantes. Foram excluídos artigos duplicados, resumos incompletos, textos opinativos sem rigor científico e publicações fora do recorte temático estabelecido.

Durante a etapa de análise, as informações foram extraídas e organizadas de maneira sistemática. Identificaram-se os principais métodos, achados e conclusões apresentados pelos autores, bem como dados quantitativos secundários contidos nas pesquisas originais como taxas de incidência, mortalidade, cobertura vacinal e prevalência das variantes em diferentes períodos da pandemia. Esses indicadores foram utilizados para complementar a interpretação dos resultados, fortalecendo a discussão teórica sem configurar análise estatística própria.

A abordagem qualitativa, conforme descrito por Minayo (2012), permite compreender fenômenos complexos e multifatoriais que envolvem significados, contextos e interações humanas, indo além da mera quantificação de dados. Assim, essa perspectiva foi adotada para interpretar criticamente a evolução da pandemia, articulando a dinâmica viral às respostas biomédicas e às estratégias de vigilância e diagnóstico laboratorial.

Dessa forma, esta revisão bibliográfica integra diferentes perspectivas científicas sobre as ondas epidêmicas e as variantes do SARS-CoV-2, contribuindo para o avanço do conhecimento biomédico e para o fortalecimento das práticas baseadas em evidências, essenciais ao monitoramento de doenças infecciosas emergentes e ao aprimoramento das ações de saúde pública no país.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Caracterização das Ondas Epidêmicas da COVID-19 no Brasil

A pandemia da COVID-19 apresentou no Brasil uma evolução marcada por sucessivas ondas epidêmicas, caracterizadas por picos de incidência e mortalidade associados à introdução e predominância de variantes específicas do SARS-CoV-2. Segundo o Boletim Observatório COVID-19 da Fundação Oswaldo Cruz, o país enfrentou três ondas principais entre 2020 e 2022, cada uma com perfis distintos quanto à magnitude dos casos e à gravidade clínica (BRASIL, 2022a).

De acordo com Santana (2025), a análise espaço-temporal da COVID-19 em Salvador e no Rio de Janeiro revelou padrões heterogêneos de disseminação e mortalidade. Em Salvador, foram identificadas cinco ondas epidêmicas de casos entre 2020 e 2022, sendo a segunda a mais longa e a terceira a mais intensa, com pico em janeiro de 2022, durante a predominância da variante Ômicron. Já o Rio de Janeiro apresentou seis ondas de casos e cinco de óbitos no mesmo período, com maior concentração de mortalidade nas três primeiras, relacionadas às variantes Gama e Delta (SANTANA, 2025).

Essas observações corroboram os estudos de Estevam (2024), que identificou três ondas epidêmicas distintas na cidade de Campinas (SP), entre março de 2020 e setembro de 2022. Na primeira, houve predomínio de casos graves e alta mortalidade, com forte associação com idade avançada e comorbidades como diabetes e doenças cardiovasculares. A segunda onda, associada à variante Gama, manteve elevados índices de óbitos, enquanto a terceira, dominada

pela variante Ômicron, apresentou alta transmissibilidade, porém com letalidade reduzida, atribuída ao avanço da vacinação e ao aprimoramento do manejo clínico.

No contexto nacional, segundo Mendes (2020) propôs que o padrão de “ondas” reflete a combinação de fatores biológicos, sociais e políticos, resultando em surtos sucessivos influenciados tanto pela sazonalidade quanto pelo relaxamento das medidas de contenção. Segundo o autor, a primeira onda foi marcada pela rápida disseminação do vírus em um cenário de incertezas e ausência de imunidade coletiva; a segunda resultou da reabertura precoce das atividades sociais e econômicas; e a terceira esteve relacionada à coexistência de condições crônicas e infecciosas, compondo um quadro de “sindemia”, no qual desigualdades estruturais agravaram os efeitos da pandemia.

Tabela 1. Percentual Mensal De Mudança De Casos Novos De Covid-19 Em Unidades Da Federação E Capitais, Brasil, 2020–2021

Região/Estado	MPC1 ^a	MPC2 ^b	MPC3 ^c	MPC4 ^d	Capit
Norte					
Rondônia	404,0 ^b	-18,1	34,5 ^b	-27,7 ^b	Port Velh
Acre	1 592,5 ^b	15,0	28,8 ^b	-38,4 ^b	Rio Bran
Amazonas	693,7 ^b	-15,7	10,0	-23,7 ^b	Mana

△ Esta tabela possui muitas colunas e foi cortada para impressão. Para visualizá-la completa, acesse o artigo original em: <https://revistatopicos.com.br/artigos/ondas-epidemicas-de-covid-19-e-a-emergencia-de-variantes-de-preocupacao-vocs-no-brasil->

Fonte: Adaptado de BRASIL. Ministério da Saúde. Boletim Epidemiológico COVID-19, 2022.

Notas:

^a MPC1 – Mudança percentual correspondente à primeira onda epidêmica.

^b MPC2 – Mudança percentual correspondente à segunda onda.

^c MPC3 – Mudança percentual correspondente à terceira onda.

^d MPC4 – Mudança percentual correspondente à quarta onda.

Segundo Santana (2025) também evidenciou que as ondas epidêmicas não ocorreram de forma homogênea entre as capitais brasileiras. No Rio de Janeiro, observou-se concentração de alta incidência nas zonas Sul e Norte durante a quarta e quintas ondas, enquanto Salvador apresentou maiores taxas de mortalidade nas regiões periféricas, como Porto Seco Pirajá e Areia Branca, especialmente na segunda onda. Essa heterogeneidade espacial demonstra o papel determinante dos fatores socioeconômicos e da densidade populacional na propagação do vírus.

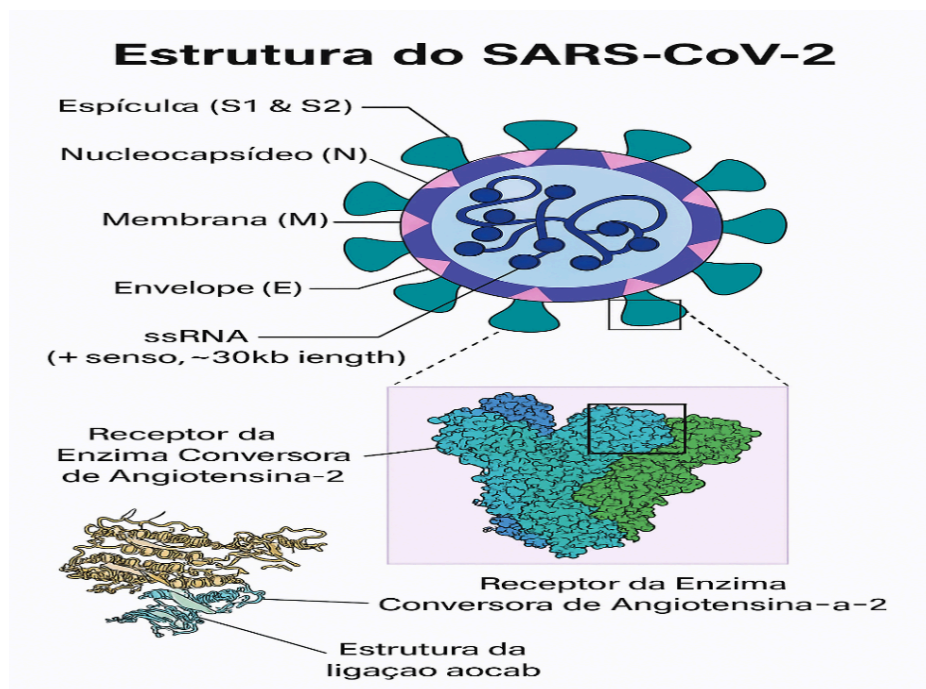
De modo geral, as sucessivas ondas epidêmicas refletem a interação dinâmica entre a evolução viral, as medidas de controle e a resposta populacional. Como ressaltam Moura et al. (2022), a vacinação iniciada em janeiro de 2021 foi decisiva para reduzir a mortalidade a partir da segunda onda, mesmo diante da emergência de novas variantes. A experiência brasileira demonstra que o comportamento epidêmico da COVID-19 foi moldado tanto pela adaptação genética do SARS-CoV-2 quanto pelas condições sociais e estruturais do país, exigindo integração contínua entre vigilância epidemiológica, genômica e diagnóstico laboratorial.

Evolução genética e disseminação das variantes de preocupação (VOCs) SARS-CoV-2

O processo evolutivo do SARS-CoV-2 tem sido amplamente estudado em virtude da sua elevada taxa de mutação e da capacidade de adaptação às pressões seletivas impostas pela resposta imune e pelas medidas de controle populacional. De acordo com Santos (2022), o genoma do vírus, composto por RNA de fita simples positiva, sofre alterações pontuais que podem modificar regiões estruturais essenciais, especialmente o gene S, que codifica a proteína spike principal determinante da afinidade viral com o receptor ACE2 humano. Essas modificações estruturais estão diretamente relacionadas à maior capacidade de transmissão e ao escape imunológico observado nas variantes de preocupação (VOCs).

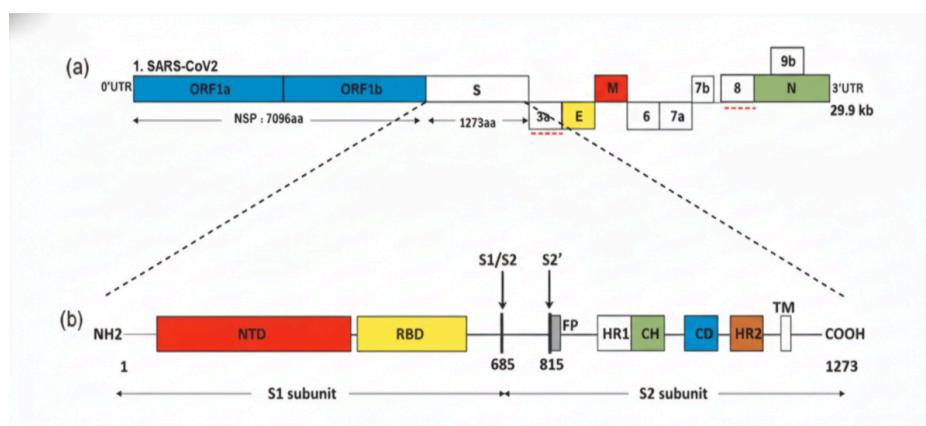
De acordo com Queiroz (2022), o SARS-CoV-2 apresenta quatro proteínas estruturais essenciais — S, E, M e N — sendo a glicoproteína spike responsável pela ligação ao receptor ACE2 e, portanto, o principal alvo das mutações que caracterizam as variantes virais. A Figura 1 ilustra a estrutura viral e evidencia a localização do domínio de ligação ao receptor (RBD), região crítica para a emergência das VOCs.

Figura 1. Estrutura do SARS-CoV-2 e interação do domínio RBD com o receptor ACE2.



Fonte: adaptado de Queiroz (2022).

De acordo com Rodrigues (2023), o genoma do SARS-CoV-2 sofre mutações pontuais, especialmente no gene S, que codifica a proteína spike, responsável pela ligação ao receptor ACE2.



Fonte: Adaptado de Rodrigues (2023).

Conforme Lobo (2024), mutações como E484K, N501Y, K417T e L452R modificam a afinidade da spike pelo receptor ACE2, contribuindo para maior transmissibilidade e escape imunológico das VOCs.”

Segundo Rodrigues (2023), a rápida disseminação do SARS-CoV-2 resultou em um processo contínuo de geração e extinção de linhagens, levando ao surgimento de novas variantes com características distintas, o que reforça a importância da vigilância

genômica para o monitoramento de mutações com potencial impacto epidemiológico.

Segundo Lobo (2024), as mutações mais relevantes ocorreram principalmente no domínio de ligação ao receptor (receptor binding domain – RBD) e no sítio de clivagem S1/S2 da proteína spike. Entre elas, destacam-se E484K, N501Y, K417T e L452R, responsáveis por aumentar a afinidade de ligação ao receptor ACE2 e reduzir a neutralização pelos anticorpos gerados por infecção prévia ou vacinação. Essas alterações conferiram vantagem adaptativa às variantes Gama, Delta e Ômicron, explicando sua rápida disseminação e a substituição de linhagens anteriores (Lobo, 2024).

Conforme observado por Amorim (2021), a vigilância genômica no Brasil revelou que a variante Gama (P.1), detectada inicialmente em Manaus no final de 2020, emergiu a partir da linhagem B.1.1.28 e tornou-se predominante em poucos meses, substituindo as cepas circulantes anteriores. Essa variante foi associada ao aumento expressivo do número de casos e óbitos no início de 2021, especialmente em populações mais jovens, evidenciando mudanças no perfil clínico-epidemiológico da doença (Amorim, 2021).

De acordo com o relatório técnico da Fundação de Vigilância em Saúde do Amazonas (2021), a disseminação da Gama esteve relacionada à combinação de elevada carga viral e escape parcial da resposta imune, o que levou à sobrecarga dos sistemas de saúde durante a segunda onda epidêmica. Ainda conforme o documento, o monitoramento genômico detectou rapidamente a introdução da variante Delta (B.1.617.2) no estado em meados de 2021, que apresentou mutações adicionais como T478K e P681R —, associadas

à maior transmissibilidade e à aceleração de surtos comunitários (Fundação De Vigilância Em Saúde Do Amazonas, 2021).

Para Santos e colaboradores (2023), a rápida substituição da variante Delta pela Ômicron (B.1.1.529), identificada no Brasil no final de 2021, demonstrou o elevado potencial de disseminação dessa linhagem, que acumulou mais de 30 mutações na proteína spike. Essa configuração genética resultou em escape significativo da imunidade adquirida, mas, segundo os autores, também esteve associada a quadros clínicos mais leves e a menor mortalidade, devido ao avanço da vacinação e à imunidade híbrida na população (SANTOS et al., 2023).

Segundo Souza (2024), o comportamento das VOCs evidencia o papel central da vigilância genômica na resposta à pandemia, permitindo a identificação precoce de mutações críticas e a compreensão da dinâmica de substituição de linhagens. O autor ressalta que o uso de técnicas de sequenciamento de nova geração (NGS) e ferramentas de bioinformática foi fundamental para o rastreamento das variantes Gama, Delta e Ômicron, além de contribuir para o ajuste das estratégias laboratoriais e de vacinação (SOUZA, 2024).

De acordo com Rodrigues (2023), as variantes de preocupação (VOCs) são aquelas que apresentam evidências de aumento na transmissibilidade, virulência, ou capacidade de evasão imunológica, sendo classificadas pela OMS em cinco principais tipos: alfa, beta, gama, delta e ômicron.

Conforme Mendes (2020), a disseminação sucessiva dessas variantes reflete não apenas a evolução biológica do vírus, mas também

fatores sociais e estruturais, como mobilidade populacional, desigualdade socioespacial e heterogeneidade na implementação das medidas sanitárias. A interação entre esses elementos favoreceu a formação de diferentes “ondas” epidêmicas regionais, demonstrando que a evolução genética do SARS-CoV-2 está intimamente ligada às condições sociais e à capacidade de resposta dos sistemas de vigilância e diagnóstico (MENDES, 2020).

Dessa forma, a literatura evidencia que o entendimento da evolução genética e da disseminação das variantes de preocupação é essencial para aprimorar o monitoramento epidemiológico e genômico, orientar políticas de imunização e fortalecer a infraestrutura laboratorial. A constante vigilância e a rápida troca de informações entre instituições científicas e órgãos de saúde permanecem fundamentais para mitigar os efeitos de futuras variantes emergentes.

Impacto da Vacinação e das Medidas de Contenção na Dinâmica da Pandemia no Brasil

A implementação das campanhas de vacinação contra a COVID-19 representou um divisor de águas na trajetória das ondas epidêmicas no Brasil. De acordo com Moura et al. (2022), o início da imunização em janeiro de 2021 coincidiu com o declínio das taxas de mortalidade observadas após o pico da segunda onda, marcada pela predominância da variante Gama. O avanço da vacinação foi determinante para a redução da gravidade clínica e hospitalizações, demonstrando o impacto direto da imunidade populacional na contenção da disseminação viral.

Conforme Santos (2023), a cobertura vacinal nacional atingiu 70% da população com duas doses até o final de 2021, o que contribuiu para mitigar os efeitos da terceira onda causada pela variante Ômicron. Ainda segundo o autor, mesmo com o aumento expressivo do número de casos, a letalidade caiu significativamente em relação às ondas anteriores, evidenciando o papel protetor da imunização.

Segundo Pedigone (2022), a vacinação teve efeito direto na queda da mortalidade por COVID-19 no Brasil, demonstrada pela redução de óbitos após a ampliação da cobertura vacinal. Os autores apontam que, no início de 2021, período marcado pelo início da imunização, registravam-se 14,4 milhões de casos, enquanto em 2022 esse número caiu significativamente, evidenciando o impacto positivo da vacina.

Segundo Estevam (2024), a associação entre vacinação em massa e medidas não farmacológicas como distanciamento social, uso de máscaras e restrição de aglomerações foi essencial para conter o ritmo de contágio, especialmente durante a transição entre as variantes Delta e Ômicron. O autor ressalta que a adesão às políticas de controle variou regionalmente, influenciada por fatores socioeconômicos e políticos, o que explica parte das diferenças nas taxas de mortalidade entre os estados brasileiros.

De acordo com o Ministério da Saúde (2022), a estratégia nacional de vacinação foi conduzida de maneira escalonada, priorizando inicialmente grupos de risco, idosos e profissionais de saúde, e expandindo-se progressivamente para o restante da população. Essa abordagem permitiu reduzir o número de internações em unidades de terapia intensiva (UTI) e diminuir a pressão sobre o sistema

hospitalar, que havia sido severamente sobrecarregado durante a primeira e segunda ondas epidêmicas.

Conforme Freitas (2024), os dados epidemiológicos mostram que a correlação entre aumento da cobertura vacinal e queda nas internações foi estatisticamente significativa. O autor destaca que, entre abril e setembro de 2021, a mortalidade por COVID-19 em pacientes acima de 60 anos reduziu em mais de 60%, refletindo a eficácia das vacinas distribuídas pelo Programa Nacional de Imunizações (PNI).

Conforme Fagundes e Duarte (2022), a disponibilidade de vacinas aumentou progressivamente ao longo de 2020 e 2021, acompanhando tanto a produção global quanto o avanço das negociações brasileiras para aquisição de doses. A Tabela 2 demonstra essa evolução, que se inicia em um cenário de indisponibilidade total e avança para a oferta universal, permitindo a ampliação da cobertura vacinal e intensificação da proteção coletiva.

Tabela 2. Evolução da disponibilidade de vacinas contra COVID-19 no Brasil (2020–2021).

Período	Grau de Disponibilidade*	Interpretação
Início de 2020	0 — Sem disponibilidade	Ausência total de vacinas; cenário pré-desenvolvimento.
Final de 2020	1 — Disponível apenas para grupos muito restritos	Primeiras negociações, ainda sem entrega efetiva de doses.
Início de 2021	2 — Disponível para trabalhadores-chave e grupos vulneráveis	Início da campanha nacional; poucas doses disponíveis.

Primeiro semestre de 2021	3 — Disponível para idosos, vulneráveis e trabalhadores-chave	Ampliação gradual da oferta; início da vacinação em massa.
Segundo semestre de 2021	4 — Disponibilidade ampla para faixas etárias sucessivas	Expansão progressiva; vacinação por faixa etária.
Final de 2021	5 — Disponibilidade universal	Vacina disponível para toda a população adulta e adolescentes.

Fonte: Adaptado de Fagundes (2022).

Segundo Carvalho et al. (2022), a vacinação em larga escala, aliada ao aprimoramento das estratégias diagnósticas e ao fortalecimento da vigilância genômica, promoveu uma mudança no perfil epidemiológico da doença. As ondas subsequentes apresentaram alta transmissibilidade, porém com menor gravidade, resultado da imunidade híbrida gerada pela combinação entre vacinação e infecção prévia.

Para Mendes (2020), o sucesso das campanhas de vacinação, entretanto, dependeu de fatores comportamentais e logísticos, como a aceitação social das vacinas e a regularidade no fornecimento das doses. O autor observa que a ausência de coordenação nacional em determinados períodos e a disseminação de informações falsas comprometeram momentaneamente a adesão vacinal em alguns estados, atrasando a formação da imunidade coletiva.

De acordo com Lobo (2024), o impacto das medidas de controle também se expressou na diminuição das taxas de reprodução viral (Rt). Cidades que mantiveram restrições de mobilidade por períodos

mais longos apresentaram curvas epidêmicas mais achatadas e menor mortalidade acumulada. O autor reforça que a vacinação não atuou isoladamente, mas em conjunto com as medidas sanitárias, formando uma barreira epidemiológica eficaz contra a propagação das variantes de preocupação.

Conforme o Boletim Observatório COVID-19 (Fiocruz, 2022), o Brasil apresentou, a partir de 2022, uma transição para um cenário de endemia controlada, caracterizado pela estabilização das curvas de incidência e pela redução das taxas de hospitalização. Esse comportamento foi atribuído à combinação entre alta cobertura vacinal, reforço das doses de imunização e manutenção das práticas de vigilância laboratorial e epidemiológica.

Assim, a literatura analisada demonstra que a vacinação em massa, associada às medidas de prevenção e controle, modificou substancialmente a dinâmica da pandemia no Brasil. Os resultados alcançados evidenciam o papel crucial das políticas públicas de imunização e da ciência biomédica na mitigação dos efeitos das variantes do SARS-CoV-2, consolidando a vacinação como a intervenção mais eficaz para o controle da COVID-19 e para a redução de sua letalidade.

CONCLUSÃO

Os resultados evidenciaram que a dinâmica das ondas epidêmicas de COVID-19 no Brasil foi diretamente influenciada pela evolução genética do SARS-CoV-2 e pela emergência das variantes de preocupação (VOCs). As análises mostraram que cada onda epidêmica esteve associada à predominância de linhagens específicas como Gama, Delta e Ômicron, cujas mutações alteraram

a transmissibilidade, o escape imunológico e o perfil clínico da doença. Assim, tornou-se evidente que a compreensão dos mecanismos evolutivos do vírus é essencial para explicar a gravidade diferenciada observada ao longo do período pandêmico.

Fatores socioespaciais exerceram influência significativa na disseminação do vírus, revelando disparidades regionais que impactaram diretamente a incidência e a mortalidade. A heterogeneidade entre capitais e estados, descrita pela literatura analisada, reforça que a pandemia não ocorreu de forma uniforme no país, sendo modulada por desigualdades estruturais, densidade populacional, mobilidade urbana e diferenças no acesso aos serviços de saúde.

No que diz respeito às estratégias de enfrentamento, as evidências mostraram que a vacinação desempenhou papel decisivo na redução das hospitalizações e óbitos, especialmente após 2021. A ampliação da cobertura vacinal, associada à imunidade híbrida e às medidas de contenção, contribuiu para o enfraquecimento do impacto clínico das VOCs mais transmissíveis. Essas observações confirmam que a imunização foi determinante para a transição de um cenário pandêmico grave para um contexto de maior estabilidade epidemiológica, caracterizado por menor letalidade.

A literatura analisada também ressaltou a importância da vigilância genômica como ferramenta estratégica para identificar precocemente novas variantes, monitorar padrões de disseminação e subsidiar decisões de saúde pública. O conjunto das evidências permite concluir que o acompanhamento contínuo das mutações virais, aliado à integração entre laboratórios, serviços de vigilância e

políticas públicas, foi fundamental para mitigar os impactos das sucessivas ondas epidêmicas.

Por fim, torna-se evidente que a pandemia deixou importantes lições: a necessidade de ampliar a vigilância genômica, fortalecer o diálogo entre ciência e sociedade, aprimorar a capacidade diagnóstica e garantir o acesso universal à vacinação e aos cuidados essenciais. Esses elementos devem orientar não apenas a compreensão da COVID-19, mas também a preparação para novos cenários epidemiológicos, reafirmando que o conhecimento científico permanece como ferramenta central na defesa da vida e na construção de respostas mais eficazes e humanizadas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMORIM, Mariene Ribeiro. **Aspectos genéticos e epidemiológicos da evolução do SARS-CoV-2 no Brasil durante as ondas epidêmicas de 2020 a 2021.** Dissertação (Mestrado em Biologia Molecular) – Universidade Federal da Bahia, Salvador, 2021.

BRASIL. **Fundação Oswaldo Cruz. Boletim Observatório COVID-19.** Rio de Janeiro: FIOCRUZ, 2022a.

CARVALHO, M. S. et al. **Incidência de SARS-CoV-2 ao longo de quatro ondas epidêmicas em um país de baixa renda: evidências do Brasil.** *The Lancet Regional Health – Americas*, v. 13, p. 100300, 2022.

CUSTÓDIO, A. F.; BENITO, L. A. O. **Registros de casos acumulados e novos de variantes de preocupação do COVID-19, Brasil, 2021-2022: Ômicron, Gamma e Delta.** *REVISA*, v. 11, n. 4, p. 548–564, 2022.

DIAS, R. C. **Vigilância genômica do vírus SARS-CoV-2 durante a terceira onda epidêmica em Minas Gerais.** Dissertação (Mestrado em Genética) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2023.

ESTEVAM, C. G. M. **Análise dos fatores associados à mortalidade por COVID-19 em Campinas (SP) durante as ondas epidêmicas, 2020–2022. 2024.** Dissertação (Mestrado em Saúde Coletiva) – Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2024.

ESTEVAM, Camila Genaro. **Epidemia de COVID-19 em Campinas: fatores de risco e desafios da gestão local.** Dissertação (Mestrado em Saúde Coletiva) – Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2024.

FAGUNDES, Gabriela Graeff. A atuação do Estado brasileiro durante a pandemia da COVID-19: uma análise das políticas públicas de enfrentamento. *Revista de Iniciação Científica e Extensão*, v. 4, n. 4, p. 64–90, 2022.

FREITAS, Daniel Henrique Marques de. **Gravidade e desfechos de pacientes críticos com COVID-19 antes e após a emergência das variantes de preocupação: uma comparação entre duas ondas pandêmicas.** Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade de São Paulo, São Paulo, 2024.

FUNDAÇÃO DE VIGILÂNCIA EM SAÚDE DO AMAZONAS (FVS-AM). Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 no Estado do Amazonas: Boletim nº 02. Manaus: ILMD/Fiocruz Amazônia, 2021.

LOBO, G. A. **Variantes de preocupação da COVID-19: estudo sobre o perfil de pacientes infectados com a linhagem Delta (B.1.617.2)**

no estado do Ceará, Brasil. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Biotecnologia) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2022.

LOBO, Raphael Luiz L. da Silva Souza. **Análise da dinâmica das variantes de preocupação (VOCs) do SARS-CoV-2 no Brasil e levantamento de amostras com diversidade intra-hospedeiro no estado do Paraná.** Dissertação (Mestrado em Biomedicina) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2024.

MENDES, Eugênio Vilaça. **O lado oculto de uma pandemia: a terceira onda da COVID-19 ou o paciente invisível.** Belo Horizonte: Conselho Nacional de Secretários de Saúde (CONASS), 2020.

MINAYO, M. C. de S. **O desafio do conhecimento: pesquisa qualitativa em saúde.** 14. ed. São Paulo: Hucitec, 2012.

MINISTÉRIO DA SAÚDE (Brasil). Plano Nacional de Operacionalização da Vacinação contra a COVID-19. Brasília: Ministério da Saúde, 2022.

MOURA, M. E. A. et al. Ondas epidêmicas da COVID-19 e a emergência de variantes de preocupação no Brasil. **Revista Brasileira de Epidemiologia**, v. 25, n. 3, p. 1–15, 2022.

MOURA, Maria Edilene Araújo et al. Covid-19: evolução temporal e imunização nas três ondas epidemiológicas no Brasil (2020–2022). **Revista de Saúde Pública**, v. 56, p. 105, 2022.

QUEIROZ, João Paulo Machado. Evolução de SARS-CoV-2 e seu impacto na pandemia. Belo Horizonte: UFMG, 2022.

RODRIGUES, Grazielle Motta. **Variantes de preocupação do SARS-CoV-2: identificação presuntiva por sequenciamento de Sanger da região do domínio de ligação ao receptor do gene S para vigilância genômica viral no Hospital de Clínicas de Porto Alegre.** 2023. Trabalho de Conclusão de Residência (Especialização em Biologia Molecular) – Hospital de Clínicas de Porto Alegre, Porto Alegre, 2023.

SANTANA, F. L. **Análise espaço-temporal da COVID-19 no Brasil: ondas epidêmicas e desigualdades regionais.** Salvador: Universidade Federal da Bahia, 2025.

SANTANA, L. S. **Aglomeracão espacial e heterogeneidade do excesso de morbidade e mortalidade da pandemia da COVID-19 em duas capitais brasileiras durante as ondas epidêmicas do período de 2020 a 2022.** Tese (Doutorado em Saúde Coletiva) – Universidade do Estado do Rio de Janeiro, 2025.

SANTOS, Ângela Maria Guimarães dos. **Dinâmica das variantes do SARS-CoV-2 e os diversos fenótipos da COVID-19 em uma coorte de pacientes brasileiros.** Tese (Doutorado em Ciências Médicas) – Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2022.

SANTOS, Iago Henrique Nogueira dos. **Vigilância epidemiológica e genômica do SARS-CoV-2: análise da circulação das variantes de preocupação no Brasil entre 2020 e 2023.** Dissertação (Mestrado em Saúde Pública) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2023.

SOUZA, Raphael Luiz L. da Silva. Análise genômica e evolução molecular das variantes Gama, Delta e Ômicron do SARS-CoV-2 no Brasil. **Revista Brasileira de Biomedicina**, v. 13, n. 2, p. 112–127, 2024.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pela força, sabedoria e discernimento concedidos ao longo desta trajetória. Expresso minha profunda gratidão ao meu orientador, Luiz Felype Alves de Souza, cuja orientação atenta, disponibilidade e confiança foram fundamentais para a construção deste trabalho. Sua dedicação tornou cada etapa mais clara, produtiva e possível.

Estendo meus agradecimentos a todos os professores que contribuíram para a minha formação acadêmica, enriquecendo meu percurso com conhecimento e inspiração. Manifesto, ainda, meu sincero reconhecimento à minha família e aos amigos, pelo apoio constante, pela compreensão nos momentos de maior desafio e por acreditarem no meu potencial.