



Diversidade genética do novo coronavírus SARS-CoV-2 (COVID-19) em Portugal

Mais informações em <https://insaflu.insa.pt/covid19/>

Relatório de situação

19 de Outubro de 2021

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. (INSA) analisou até à data **19024 sequências do genoma do coronavírus SARS-CoV-2**, obtidas de amostras colhidas em mais de 100 laboratórios/hospitais/instituições representando 303 concelhos. **No âmbito da monitorização contínua da diversidade genética do SARS-CoV-2**, têm vindo a ser analisadas uma **média de 548 sequências por semana desde o início de Junho de 2021**. Estas sequências foram obtidas de amostras colhidas aleatoriamente em laboratórios distribuídos pelos **18 Distritos de Portugal continental e pelas Regiões Autónomas dos Açores e da Madeira**, abrangendo uma média de 127 concelhos por semana.

A **Figura 1** apresenta a frequência relativa das variantes genéticas do SARS-CoV-2 em Portugal em 2021, com ênfase na evolução das “Variants of Concern” (VOC) nas últimas semanas (**Tabela 1**).

Figura 1

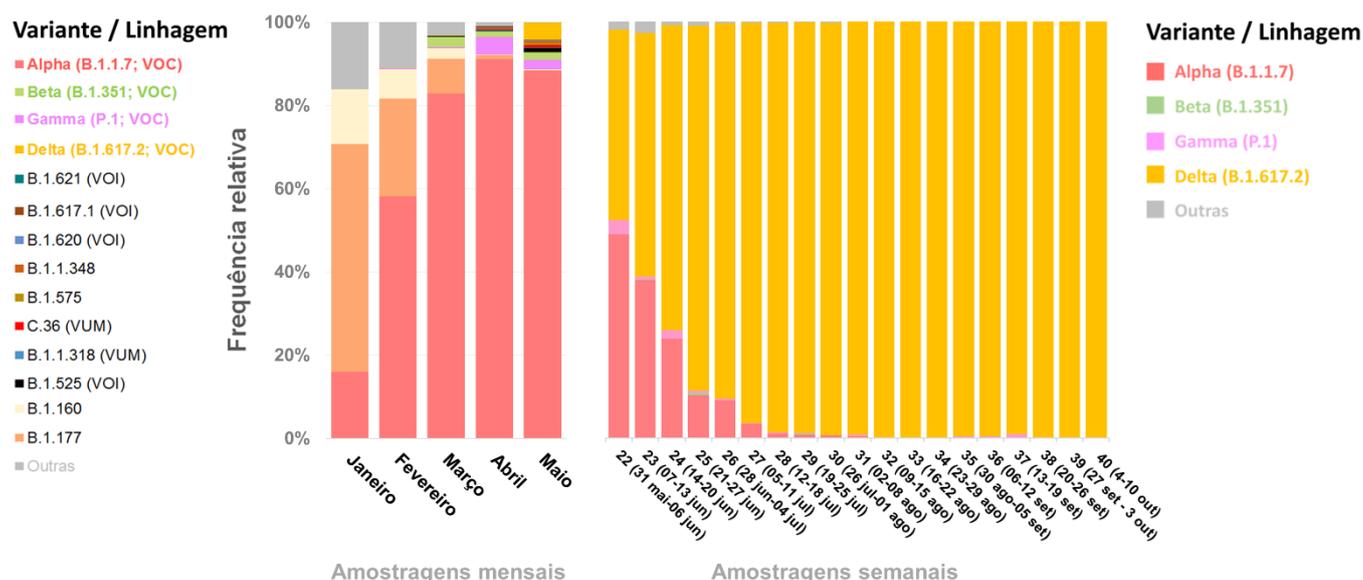


Tabela 1

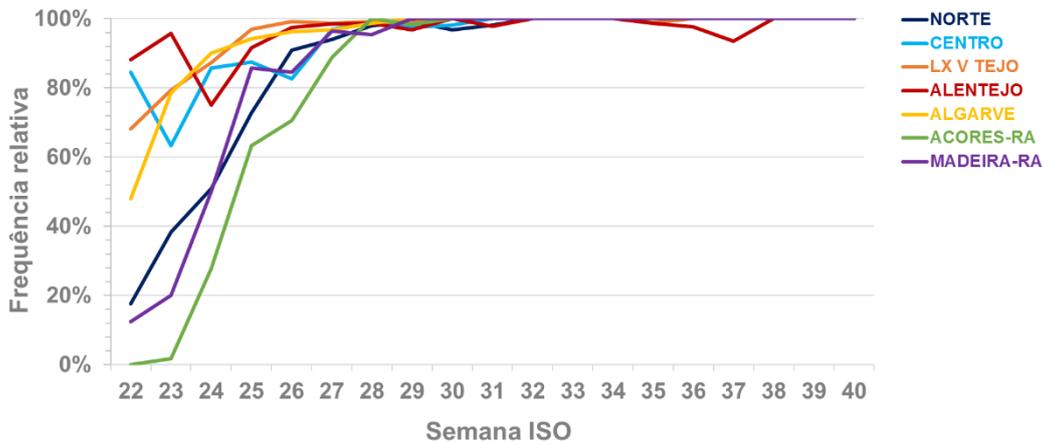
Variante (linhagem)	Frequência relativa por semana ISO							
	ISO 33 (n=491)	ISO 34 (n=532)	ISO 35 (n=566)	ISO 36 (n=539)	ISO 37 (n=549)	ISO 38 (n=548)	ISO 39 (n=492)	ISO 40 (n=316*)
Alpha (B.1.1.7)	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
Beta (B.1.351)	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
Gamma (P.1)	0,0%	0,0%	0,4%	0,4%	0,9%	0,0%	0,0%	0,0%
Delta (B.1.617.2)	100,0%	100,0%	99,6%	99,6%	99,1%	100,0%	100,0%	100,0%
Outras	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%

Notas:
 * É de esperar a existência de algumas flutuações nas frequências apresentadas para a última semana em análise (semana ISO 40), na medida em que ainda estão a ser apurados dados relativos a esse período.
VOC: Variant of Concern; **VOI:** Variant of Interest; **VUM:** Variant Under Monitoring; Classificação de acordo com o Centro Europeu para Prevenção e Controlo de Doenças (ECDC); <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>.



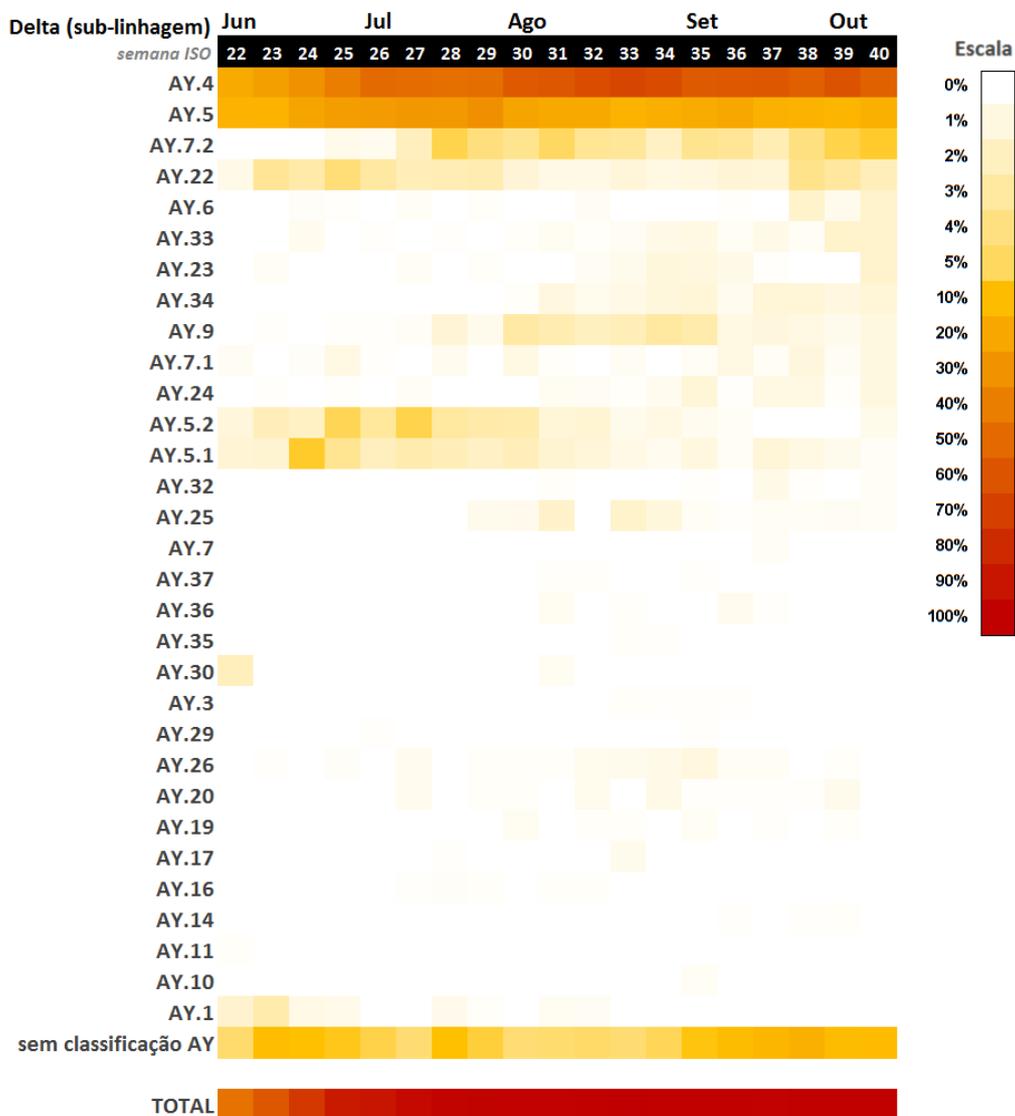
A Figura 2 apresenta a evolução semanal da frequência relativa da variante Delta por Região de Saúde.

Figura 2



A Figura 3 apresenta a evolução semanal da frequência relativa das diversas sub-linhagens* da variante Delta.

Figura 3



*Nota: A classificação da variante Delta em sub-linhagens é baseada no sistema de nomenclatura Pango (<https://www.pango.network/>), a qual apoia a monitorização da diversidade genética, potenciando a deteção precoce de variantes de interesse. Esta classificação não tem como premissa a existência de diferenças funcionais no vírus, regendo-se unicamente por critérios genéticos e/ou epidemiológicos.

As sub-linhagens apresentadas foram obtidas após classificação de todas as sequências Delta com o software pangolin (<https://github.com/cov-lineages/pangolin>) com as seguintes versões: pangolin v3.1.14; pangolearn 2021-09-28; scorpio v0.3.12; pango-designation v1.2.81.



Principais destaques:

- Na **semanas ISO 38 e 39** (entre 20 de setembro e 3 de outubro), com amostragens fechadas e análises concluídas, registou-se uma **frequência relativa de 100.0%** para a **variante Delta (B.1.617.2)** (**Figura 1, Tabela 1**). Na **semana ISO 40** (4 a 10 de outubro), apesar de a variante Delta apresentar uma **frequência relativa de 100%**, este valor é **provisório** pois os dados ainda estão a ser apurados (**Figura 1, Tabela 1**).
- Nesta atualização apresenta-se a **evolução semanal da frequência relativa das diversas sub-linhagens da variante Delta** (recentemente definidas com o prefixo "AY.") (**Figura 3**). Esta sub-classificação, através do agrupamento de vírus com maior proximidade genética/epidemiológica entre si, facilita a monitorização contínua da evolução genética e dispersão geo-temporal de SARS-CoV-2, potenciando a detecção precoce de novas constelações de mutações (i.e., variantes) de interesse. **A discriminação em sub-linhagens não indica que estas apresentem diferenças funcionais (i.e., maior transmissibilidade, associação a doença severa, maior capacidade de evasão ao sistema imunitário, etc.)**. É de notar que esta nomenclatura se encontra em constante revisão e refinamento pela *network* responsável por este sistema (<https://www.pango.network/>) (isto é, espera-se a supressão e/ou adição de sub-linhagens nas próximas actualizações). Por exemplo, espera-se que o grande grupo de sequências AY.4 seja alvo de reclassificação no futuro, uma vez que esta sub-classificação carece de robustez filogenética.
- Em Portugal, as 9544 sequências Delta analisadas até à data dividem-se em 32 sub-linhagens (**Figura 3**). Desta monitorização contínua destacam-se as seguintes observações:
 - Apenas a linhagem AY.7.2 apresentou um aumento de frequência relativa $\geq 1\%$ por semana entre as semanas ISO 38 e 40. Esta sub-linhagem não apresenta mutações adicionais na proteína Spike em relação ao perfil mutacional ancestral.
 - Foram detetadas até à data 9 sequências "AY.4" com duas mutações adicionais na proteína Spike (Y145H e A222V). Esta constelação de mutações (provisoriamente classificada como AY.4.2) tem suscitado interesse na comunidade científica internacional devido à sua crescente frequência no Reino Unido nas últimas semanas. A análise genética indica que os casos detectados em Portugal (entre 24 de agosto e 4 de Outubro) representam várias introduções independentes do vírus, as quais estão sob investigação pelas autoridades de Saúde.
- Não é detectado qualquer caso associado à variante Gamma (P.1) desde a semana ISO 37 (13 a 19 de setembro), período em que se detectou um pequeno foco de transmissão na Região do Alentejo.
- Não é detectado qualquer caso associado à variante Beta desde a semana ISO 29 (19 a 25 de julho).
- No [site](#) podem ser consultadas **tabelas dinâmicas que sumarizam a frequência e dispersão geotemporal das variantes/linhagens identificadas até à data e as mutações de interesse na proteína Spike** em cada uma delas. Estas tabelas serão actualizadas à medida que se obtenham novos dados de sequenciação.

As actividades de vigilância laboratorial do SARS-CoV-2 continuarão em articulação com as autoridades de Saúde, mantendo especial foco na detecção de novas introduções e monitorização de variantes a suscitar particular interesse pela comunidade científica e autoridades de Saúde. Neste âmbito, destaca-se a publicação do Diário da República (Despacho n.º 331/2021 - Diário da República n.º 6/2021, Série II de 2021-01-11), a qual determina o reforço da vigilância laboratorial genética e antigénica do vírus SARS-CoV-2, sob coordenação do INSA. Mais detalhes do estudo da diversidade genética do novo coronavírus SARS-CoV-2 em Portugal, incluindo objectivos, metodologias, colaborações, entre outros, podem ser consultados em <https://insaflu.insa.pt/covid19/>