







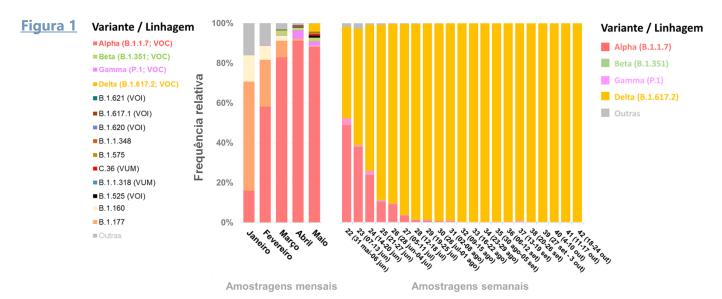
Mais informações em https://insaflu.insa.pt/covid19/

### Relatório de situação

#### 02 de Novembro de 2021

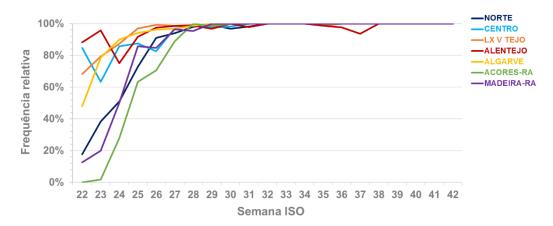
O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. (INSA) analisou até à data 19892 sequências do genoma do vírus SARS-CoV-2, obtidas de amostras colhidas em mais de 100 laboratórios/hospitais/instituições representando 303 concelhos. No âmbito da monitorização contínua da diversidade genética do SARS-CoV-2, têm vindo a ser analisadas uma média de 538 sequências por semana desde o ínicio 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.



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





#### Notas:

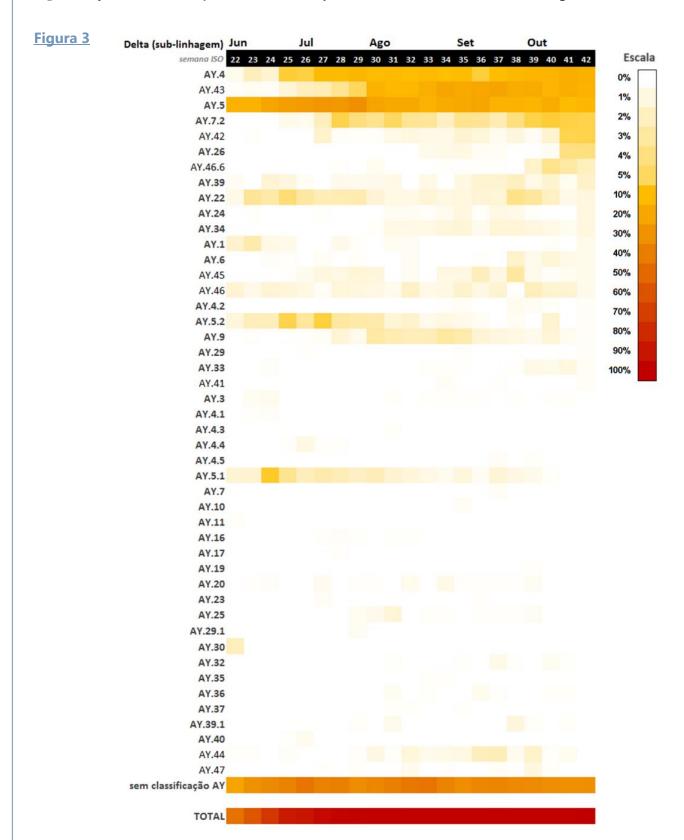
**VOC:** Variant of Concern; **VOI:** Variant of Interest; **VUM:** Variant Under Monitoring; Classificação de acordo com o Centro Europeu para Prevenção e Controlo de Doenças (ECDC); <a href="https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern">https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern</a>.

<sup>\*</sup> É de esperar a existência de algumas flutuações nas frequências apresentadas para a última semana em análise (semana ISO 42), na medida em que ainda estão a ser apurados dados relativos a esse período.





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



<sup>\*</sup>Nota: A classificação da variante Delta em sub-linhagens é baseada no sistema de nomenclatura Pango (<a href="https://www.pango.network/">https://www.pango.network/</a>), a qual apoia a monitorização da diversidade genética, potenciando a detecção 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 sequência Delta com o software pangolin (<a href="https://github.com/cov-lineages/pangolin">https://github.com/cov-lineages/pangolin</a>) com as seguintes versões: pangolin v3.1.16; pangolearn 2021-10-18; scorpio v0.3.14; pango-designation v1.2.88; constellations v.0.0.21.





#### **Principais destaques:**

- Na semanas ISO 40 e 41 (entre 4 e 17 de outubro), com amostragens fechadas e análises concluídas, registou-se uma frequência relativa de 100% para a variante Delta (B.1.617.2) (Figura 1, Figura 2). Na semana ISO 42 (18 a 24 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, Figura 2).
- A Figura 3 apresenta a evolução semanal da frequência relativa das diversas sub-linhagens da variante Delta (definidas com o prefixo "AY."). 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 deteção 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 atualizações, com consequente re-classificação de algumas sequências).
- Em Portugal, as 10412 sequências Delta analisadas até à data dividem-se em mais de 40 sub-linhagens (Figura 3).
  Desta monitorização contínua destacam-se as seguintes observações:
  - Circulam atualmente diversas sub-linhagens da variante Delta em Portugal, sendo que 23 destas foram detetadas consecutivamente nas últimas 3 semanas com amostragens fechadas e análises concluídas (semanas ISO 39 a 41) ou na actual semana em análise (semana ISO 42).
  - Quatro sub-linhagens apresentaram uma frequência relativa com tendência crescente, aqui definida como "aumento de frequência relativa ≥2,5% em relação à última semana analisada ou aumento ≥1% por semana em 3 semanas consecutivas" (nesta avaliação apenas são contempladas semanas com amostragens fechadas), embora esta tendência reflita diferentes contextos:
    - AY.42: apresentou um aumento marcado de frequência relativa entre as semanas 40 (1.5%) e 41 (5.6%) a nível nacional, o qual está provavelmente associado à ocorrência de surtos locais em algumas regiões, em particular nas regiões do Centro, Algarve e Lisboa e Vale do Tejo;
    - AY.26: apresentou um aumento marcado de frequência relativa entre as semanas 40 (0.4%) e 41 (3.9%) a nível nacional; a elevada concentração de casos num curto espaço de tempo, associada à sua baixa diversidade genética viral, aponta que este aumento de frequência poderá ter tido origem num evento de "super-spreading", potencialmente desencadeando uma maior circulação desta sub-linhagem em algumas regiões, em particular no Alentejo e Lisboa e Vale do Tejo;
    - AY.4 e AY.43: sub-linhagens muito disseminadas à escala nacional e global, apresentando uma frequência relativa semanal muito flutuante em Portugal; espera-se que, a curto prazo, sejam definidas múltiplas sub-linhagens dentro das mesmas, o que resolverá incongruências filogenéticas e facilitará a interpretação do significado dessas flutuações de frequência.
  - O A sub-linhagem AY.4.2, a qual se caracteriza por duas mutações adicionais na proteína Spike (Y145H e A222V), tem suscitado particular interesse na comunidade científica internacional devido à sua crescente frequência no Reino Unido. Foram detetadas até à data 10 casos associados a esta sub-linhagem em Portugal, os quais foram registados entre as semana ISO 34 e 42, representando frequências semanais ≤0.5% nas amostragens nacionais. A análise genética sugere que estes casos representam várias introduções independentes desta sub-linhagem no país.





- o **Foram detectados mais 2 casos da sub-linhagem AY.1 na semana ISO 42**, a qual se caracteriza por uma mutação adicional de interesse na proteína Spike (K417N), perfazendo um total de 3 casos detetados entre as semanas ISO 40 e 42. A análise genética sugere que estes casos poderão fazer parte da mesma cadeia de transmissão, a qual 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 <u>site</u> 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.

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 <a href="https://insaflu.insa.pt/covid19/">https://insaflu.insa.pt/covid19/</a>