



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

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

Relatório de situação

22 de Março de 2022

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. (INSA) analisou até à data **30315** sequências do genoma do vírus SARS-CoV-2, obtidas de amostras colhidas em mais de 100 laboratórios/hospitais/instituições representando 304 concelhos.

No âmbito da monitorização contínua da diversidade genética do SARS-CoV-2, têm vindo a ser analisadas uma **média de 520 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 137 concelhos por semana (**Figuras 1 e 2**).

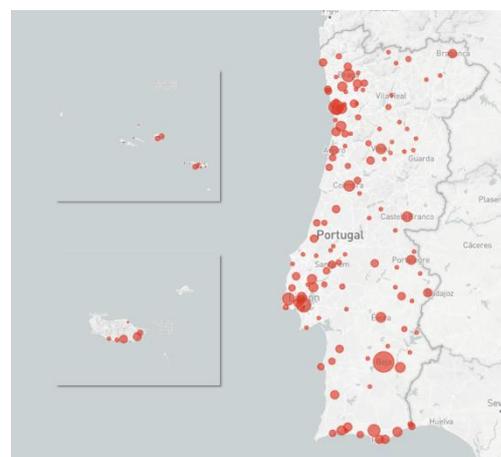


Figura 1. Cobertura geográfica (a nível do Concelho) da última amostragem semanal de âmbito nacional, a qual permitiu obter 510 novas sequências do genoma de SARS-CoV-2, representando 139 concelhos.

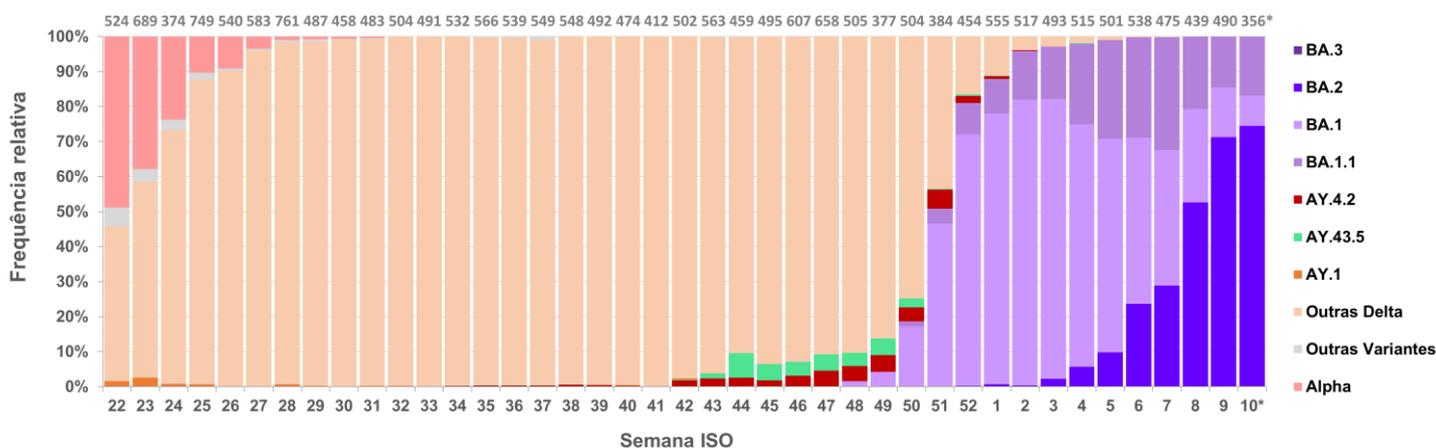


Figura 2. Evolução da frequência relativa semanal das (sub)-linhagens de SARS-CoV-2 em circulação em Portugal entre as semanas ISO 22 (31 de maio a 6 de junho, 2021) e 10 (7-13 de março de 2022). Os valores acima de cada barra indicam o número de sequências avaliadas por semana no âmbito das amostragens aleatórias nacionais. O gráfico destaca: i) as (sub)linhagens BA.1, BA.1.1, BA.2 e BA.3 (classificadas como *Omicron* pela OMS) e ii) sub-linhagens *Delta* de interesse (AY.1, AY.4.2 e AY.43.5). *É de esperar a existência de algumas flutuações nas frequências apresentadas para a última semana em análise (semana ISO 10), na medida em que ainda estão a ser apurados dados relativos a esse período.



Principais destaques:

- A variante de preocupação (VOC) *Omicron*, segundo a classificação da [OMS](#), engloba atualmente várias (sub)linhagens identificadas com o prefixo “BA” (Figura 3), todas já detetadas em Portugal.

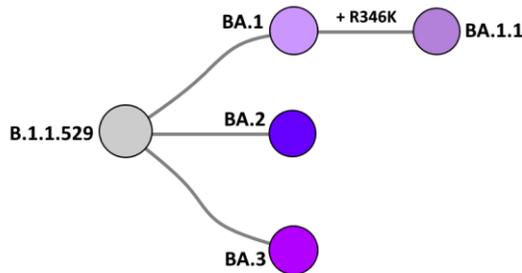


Figura 3. Ilustração simplificada da relação genética entre as várias (sub-)linhagens da variante *Omicron*.

- **Linhagem BA.1**

A linhagem BA.1 foi identificada em países da África austral em novembro de 2021, tendo sido entretanto detetada em mais de 100 países. Caracteriza-se por um elevado número de mutações de interesse na proteína Spike, incluindo mutações reconhecidas pelo seu envolvimento na ligação ao receptores das células humanas e/ou a anticorpos neutralizantes.

- A linhagem BA.1 foi identificada pela primeira vez em Portugal em meados de novembro de 2021, tendo sido detetada em todas as amostragens aleatórias semanais por sequenciação total do genoma a partir da semana 47 (22 a 28 de novembro, 2021) (Figura 2). Estas amostragens, em paralelo com a monitorização em tempo-real da proporção de amostras positivas com “falha” na detecção do gene S (SGTF – *S gene target failure*) pelo kit de diagnóstico *TaqPath* (perfil indicador de caso provável de *Omicron* BA.1), têm permitido acompanhar a sua circulação em Portugal (Figuras 2 e 4). De acordo com os dados de sequenciação, a frequência relativa da linhagem BA.1 atingiu um máximo na semana 2 (95,6%, 10 a 16 de janeiro, 2022), altura em que iniciou uma tendência decrescente (Figuras 2 e 4). Em concordância, dados de SGTF (Figura 4) mostram que essa tendência decrescente na proporção de amostras positivas com perfil SGTF se mantém até à atualidade, registando-se uma frequência estimada de 11,3% ao dia 21 de março de 2022 (Figura 4).
- A sub-linhagem BA.1.1, a qual se caracteriza pela mutação adicional R346K no domínio de ligação da proteína Spike às células humanas (Figura 3), tem circulado em Portugal desde o início de dezembro e a sua frequência relativa aumentou progressivamente até à semana 7 (Figuras 2 e 5), onde representou cerca de 30% das sequências analisadas (Figura 2). A sua frequência relativa tem vindo a revelar uma tendência decrescente, representando 16,9% das sequências analisadas da semana 10 (7 a 13 de março de 2022; dados preliminares).

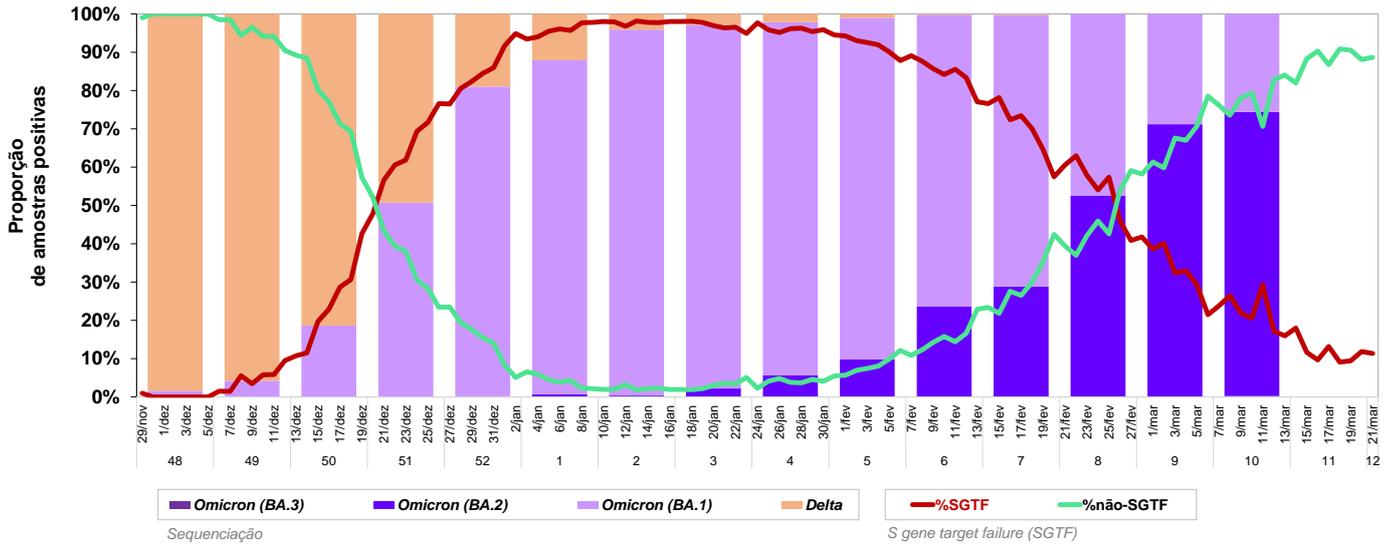


Figura 4. Evolução da proporção diária de amostras positivas com e sem “falha” do gene S (SGTF – *S gene target failure*) acompanhada da frequência relativa semanal das variantes/linhagens em circulação obtida através de amostragens nacionais aleatórias por sequenciação, desde a semana 48 de 2021 (data de colheita). Atualmente, uma amostra **positiva SGTF** é indicadora de caso provável de **Omicron BA.1** (incluindo a sub-linhagem BA.1.1), uma vez que a linhagem BA.3 (também com perfil SGTF) apenas foi detetada a uma frequência inferior a 0.5%. Uma amostra positiva **não-SGTF** é indicadora de caso provável de **Omicron BA.2**, uma vez que a variante *Delta* (também com perfil não-SGTF) apresenta uma circulação residual (<1% desde a semana 5) em Portugal. A análise SGTF envolve apenas testes positivos *TaqPath – ThermoFisher* com *Cycle threshold* (Ct) ≤30 para os genes N e ORF1ab. Os dados relativos aos últimos dias (SGTF) ou semana (Sequenciação) são provisórios.

Fonte dos dados SGTF: laboratórios que utilizam o teste *TaqPath – ThermoFisher* (UNILABS, a Cruz Vermelha Portuguesa, o Algarve Biomedical Center, SYNLAB, Hospital de Santo Espírito da Ilha Terceira e Universidade do Porto); Consulte [aqui](#) a tabela com os dados apresentados no gráfico.

• Linhagem BA.2

- Aquando da identificação da linhagem BA.1 em meados de novembro de 2021, foi detetada uma outra **linhagem (BA.2) com várias características genéticas semelhantes**. Em particular, ambas as linhagens descendem da mesma linhagem ancestral (designada como “B.1.1.529”) (**Figura 3**) e apresentam um “excesso” de mutações na proteína Spike, sendo que muitas delas são partilhadas. Em contraste com a linhagem BA.1, a **BA.2 não tem a deleção del69-70 na proteína Spike, pelo que não apresenta “falha” na detecção do gene S (SGTF)** com o kit *TaqPath – ThermoFisher*. Esta linhagem foi já detetada em múltiplos países, destacando-se a sua elevada prevalência na Dinamarca.
- **Em Portugal, a linhagem BA.2 foi detetada pela primeira vez em amostragens aleatórias por sequenciação na semana 52** (27 de dezembro de 2021 a 2 de janeiro de 2022) (**Figura 2**). **A sua frequência relativa tem aumentado desde então**, representando 74.2% das amostras sujeitas a sequenciação da semana 10 (7-13 de março; dados em apuramento) (**Figura 2**). À semelhança da variante *Delta*, a linhagem BA.2 pode ser monitorizada indiretamente através da proporção de amostras positivas não-SGTF. Dada a circulação residual da variante *Delta* (<1% desde a semana 5), o valor preditivo deste indicador para identificar casos suspeitos da linhagem BA.2 é agora mais robusto. Assim, a **linhagem BA.2 é claramente dominante em Portugal, representando 88,7% das amostras positivas ao dia 21 de março de 2022** (**Figuras 2, 4 e 5**).

• Linhagem BA.3

- Esta linhagem, a qual foi identificada pela primeira vez na África do Sul, apresenta características genéticas próximas das linhagens BA.1 e BA.2 da variante *Omicron* (**Figura 3**), tendo sido detetada esporadicamente a nível global. Em Portugal, a **linhagem BA.3** foi apenas detetada na amostragem aleatória da semana 10 (7 a 13 de março de 2022) na **Região Autónoma dos Açores** (**Figura 5**), representando um caso com historial de viagem, **não havendo, até à data, evidência da sua circulação comunitária**.

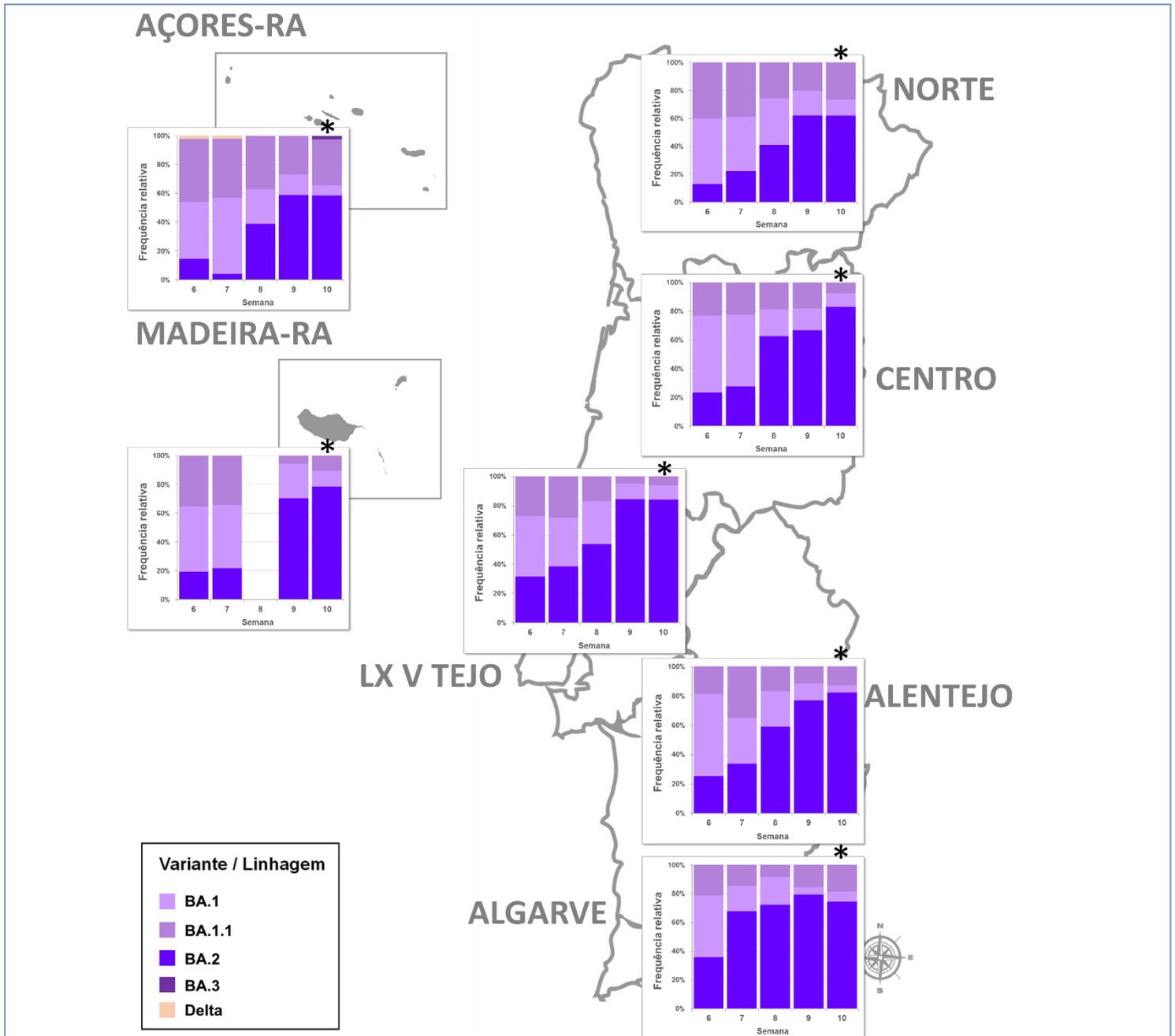


Figura 5. Evolução da frequência relativa semanal das linhagens por Região de Saúde, entre as semanas ISO 6 (7-13 de fevereiro de 2022) e 10 (7-13 de março, 2022). O gráfico destaca as linhagens BA.1 (incluindo sub-linhagem BA.1.1), BA.2 e BA.3 (classificadas como Omicron pela OMS), bem como variante Delta.

* É de esperar a existência de algumas flutuações nas frequências apresentadas para a última semana em análise (semana ISO 10), na medida em que ainda estão a ser apurados dados relativos a esse período. Em particular, à data de fecho deste relatório, não foram disponibilizadas amostras da semana ISO 8 da Região Autónoma da Madeira.

- 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.

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://insafiu.insa.pt/covid19/>.