



International

CPHIA | 2021

Conference on Public Health in Africa

COVID-19 no Espaço CPLP: impacto, experiências e lições

Conference for Public Health in Africa | CPHIA December 2021



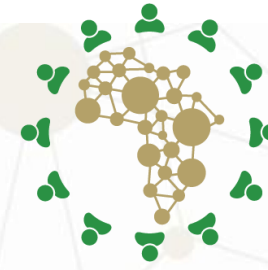
AFRICA CDC
Centres for Disease Control and Prevention
Safeguarding Africa's Health



CPLP
Comunidade dos Países
de Língua Portuguesa



AC
COVID-19
ALTO COMISSARIADO PARA A COVID-19



International

CPHIA | 2021

Conference on Public Health in Africa

COVID-19 no Espaço CPLP: impacto, experiências e lições

Conference for Public Health in Africa | CPHIA December 2021



AFRICA CDC
Centres for Disease Control and Prevention
Safeguarding Africa's Health



CPLP
Comunidade dos Países
de Língua Portuguesa



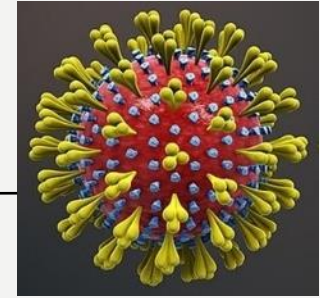
ALTO COMISSARIADO PARA A COVID-19

Sequênciação do Genoma do vírus

Fernando de Almeida com João Paulo Gomes
Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge

COVID-19

Emergência de um novo coronavírus: SARS-CoV-2



- ➔ **Identificado em dezembro 2019 em Wuhan, China**
- ➔ **Até 14 dez 2021 ~270 milhões de casos e ~5.3 milhões de mortes**
- ➔ **1º genoma do SARS-CoV-2 foi sequenciado a 5 janeiro 2020**
- ➔ **~6 milhões de genomas de SARS-CoV-2 já sequenciados em todo o mundo (base de dados - GISAID)**



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

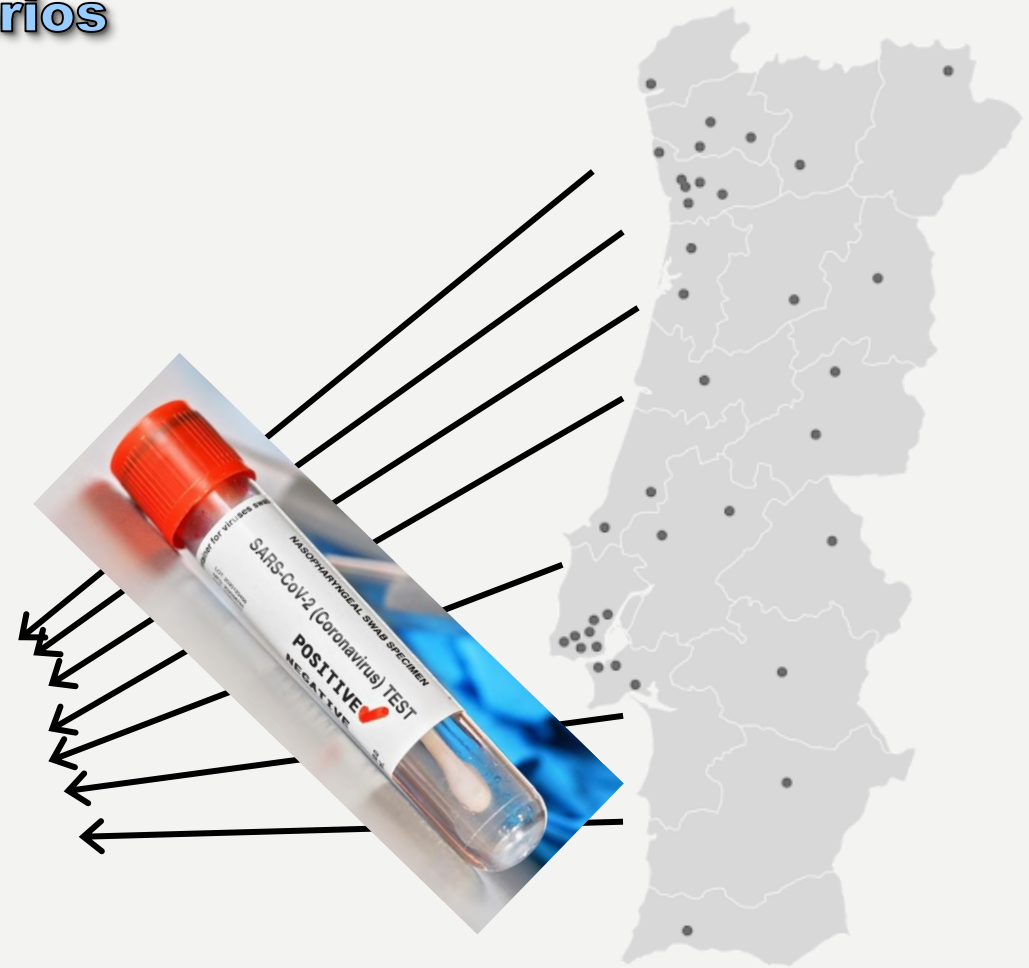
O [Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. \(INSA\)](#) coordena o estudo de monitorização da disseminação do novo coronavírus SARS-CoV-2 em Portugal através da análise do genoma deste vírus pandémico.

Envolve a colaboração do Instituto Gulbenkian de Ciência (IGC), o Institute of Biomedicine (iBiMED, Universidade de Aveiro), o BioSystems & Integrative Sciences Institute (BioISI, Universidade de Lisboa), o Instituto de Investigação e Inovação em Saúde (i3S) e o Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos (CIBIO, Universidade do Porto)

A sequência completa do genoma é identificada com recurso a tecnologias de sequenciação de nova geração e análise bioinformática através da plataforma online [INSaFLU](#).

Como é feita a monitorização em Portugal?

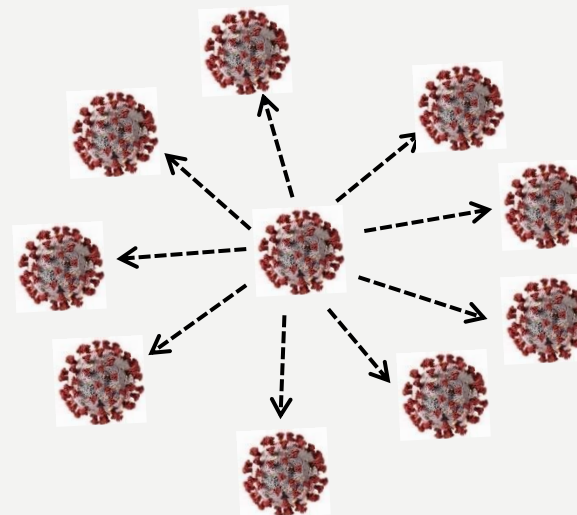
- Consórcio ~100 hospitais / Laboratórios



Objetivos:

- Determinação dos perfis mutacionais do SARS-CoV-2 para identificação e monitorização de cadeias de transmissão, bem como identificação de novas introduções do vírus em Portugal.
- Prever o início da transmissão na comunidade e aferir o impacto das medidas de contenção.
- Determinação do grau de variabilidade genética de antígenos ou alvos de fármacos antivirais com possível impacto no desenvolvimento / eficiência de medidas profiláticas (vacinas) e terapêuticas.
- Determinação de possíveis associações entre perfis genéticos (mutacionais) do SARS-CoV-2 e determinadas manifestações clínicas (ex. diferentes graus severidade da COVID-19).

Como surgem as variantes ?



Multiplicação dos vírus



Ocorrência de alguns erros ("mutações") nas cópias



Essas mutações facilitam:

- Entrada nas nossas células?
- Fuga aos nossos anticorpos?

Sim

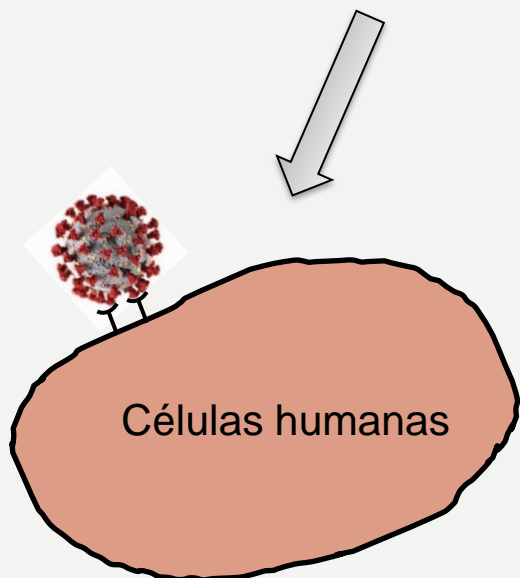
Não



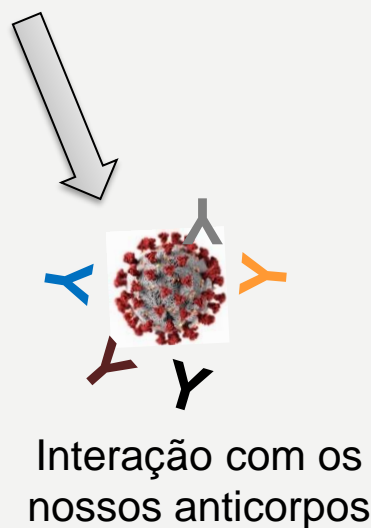
Vírus que aumentarão a sua prevalência

Vírus terão baixa prevalência

Designação de "variantes" (VOG, VOI)

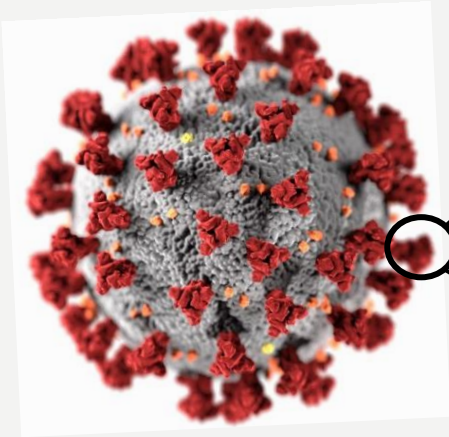


Entrada nas nossas células

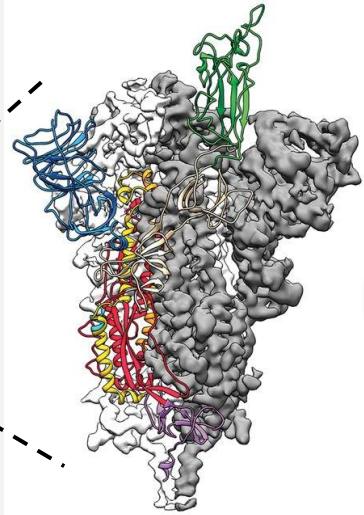


Interação com os nossos anticorpos

Variantes versus imunidade



Novo coronavírus

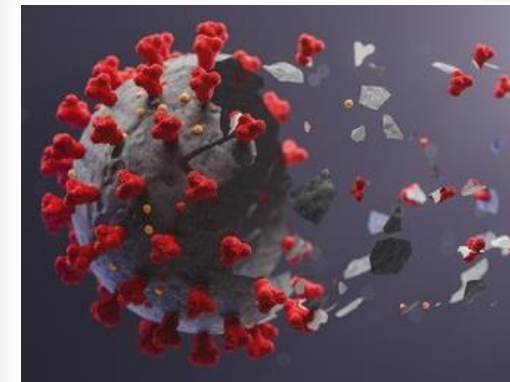
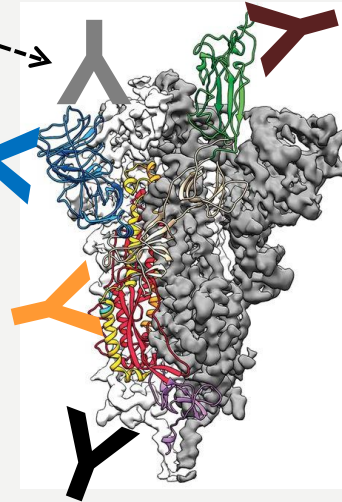


Proteína de superfície



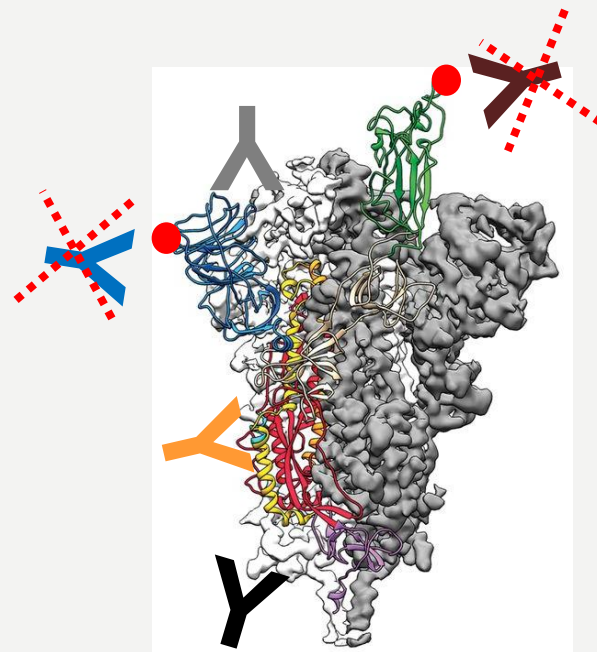
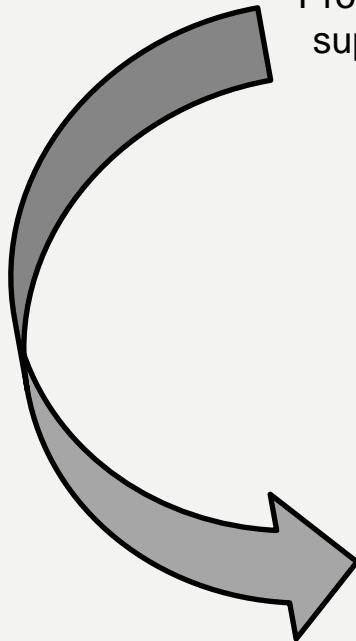
Vacinação ou
infecção natural

Anticorpos



Destruição do vírus

Ocorrência de
mutações



Possível diminuição da
imunidade protetora

Cerca de 23 000 genomas de SARS-CoV-2 sequenciados em Portugal (até 14 dez 2021)

Desenvolvimento de um site público para divulgação de resultados

<https://insaflu.insa.pt/covid19/>



Visão global da diversidade genética e dispersão geotemporal do vírus SARS-CoV-2 em Portugal. Os diferentes genomas (representados por círculos no painel à esquerda) estão coloridos de acordo com a classificação de Clade e com a mesma tonalidade no mapa – o tamanho dos círculos no mapa é proporcional ao número de genomas sequenciados por concelho (consultar o site <https://insaflu.insa.pt/covid19/> para mais detalhes).

Emergência de variantes – presente e futuro

Cenário A

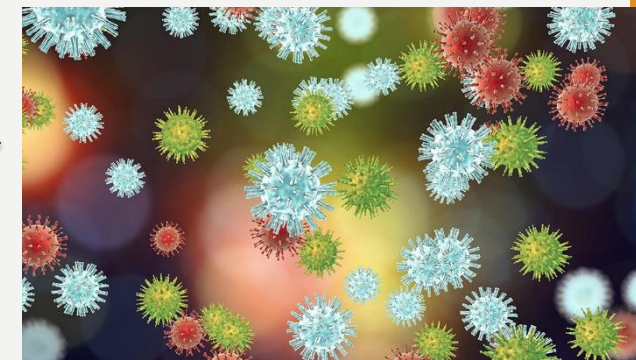
Países com **baixa** taxa de vacinação



População com menos imunidade



Mais vírus em circulação e em multiplicação



Maior número de variantes (VOC, VOI)



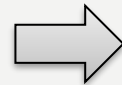
Maior número e diversidade de mutações

Cenário B

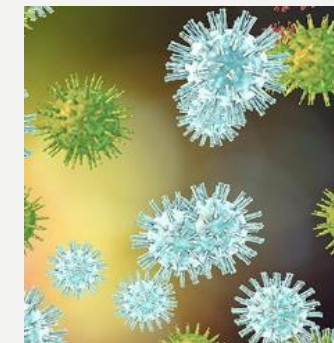
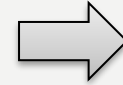
Países com **elevada** taxa de vacinação



População com alta imunidade



Menos vírus em circulação e em multiplicação



Vacinas mais eficazes



Muito menor número de variantes (VOC, VOI)

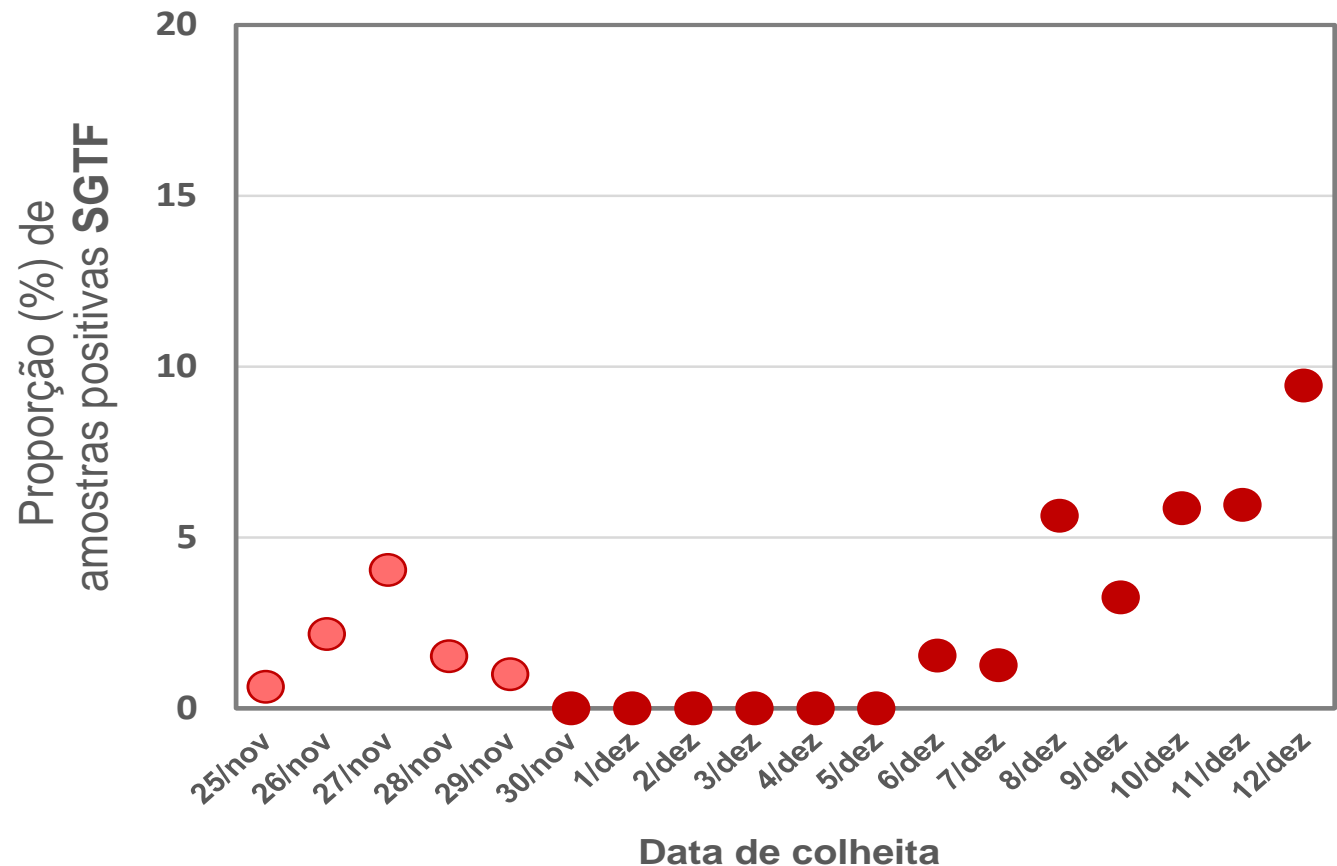
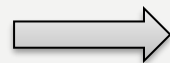


Menor número e diversidade de mutações

Evolução da prevalência das principais variantes em Portugal

Dados da monitorização da variante Omicron através da falha do gene "S" nos testes de diagnóstico, que mostram o início da circulação comunitária da Omicron a partir da 2ª semana de dezembro, em Portugal

% de amostras com falha do gene "S" (sigla SGTF)





MUITO OBRIGADO!

Fernando de Almeida
Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge