

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

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



Relatório de situação

10 de janeiro de 2023

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. analisou até à data **44623** seqüências do genoma do vírus SARS-CoV-2.

Frequência Relativa de variantes/linhagens de SARS-CoV-2 (Nacional)

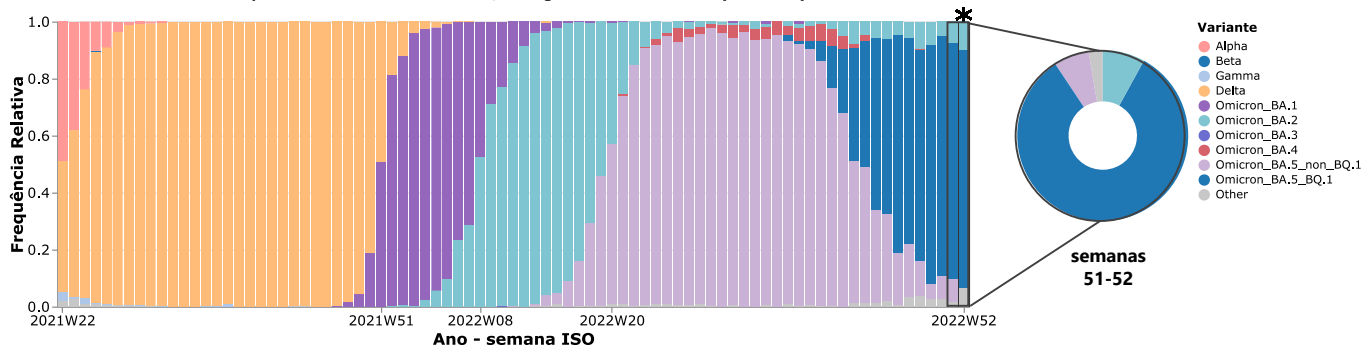
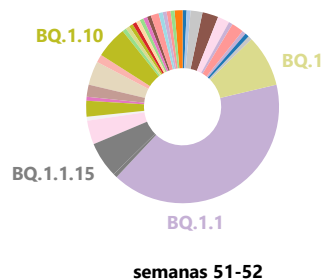


Figura 1: Evolução da frequência relativa semanal das variantes de SARS-CoV-2 em circulação em Portugal entre as semanas ISO 22 (31/05/21 a 06/06/21) e 52 (26/12/22 a 01/01/23). É de esperar a existência de algumas flutuações nas frequências apresentadas para a última semana em análise (semana ISO 52*), na medida em que ainda estão a ser apurados dados relativos a esse período. *Consulte no website este e outros gráficos de forma interativa.*

Principais destaques

- A **linhagem BA.5 da variante Omicron** (incluindo as suas múltiplas sub-linhagens) é **dominante em Portugal** desde a semana 19 (09/05/22 a 15/05/22), apresentando uma **frequência relativa de 89,3%** de acordo com a mais recente amostragem aleatória por sequenciação entre as semanas 51 e 52 (19/12/22 a 01/01/23) (**Figura 1**).
- A frequência relativa da **linhagem BA.4 da variante Omicron** tem sido residual, **não tendo sido detectada** nenhuma seqüência **nas últimas 4 semanas** (**Figura 1**).
- A **linhagem BA.2 da variante Omicron** foi **dominante em Portugal** entre as **semanas 8 (21/02/22 a 27/02/22) e 19 (09/05/22 a 15/05/22)**. Desde então, a sua frequência relativa tem sido residual, ressurgindo recentemente sobretudo pelas **linhagens BN.1 e CH.1.1 (e suas sub-linhagens)**, com frequências relativas de 2,7% e 4,7%, respectivamente, entre as semanas 51 e 52.
- No decurso da monitorização contínua da introdução e circulação de (novas) (sub-)linhagens de SARS-CoV-2 em Portugal, **tem-se observado a emergência de sub-linhagens de interesse**, com novas constelações de mutações potencialmente associadas à resistência a anticorpos neutralizantes. Em Portugal, destaca-se a intensa circulação da **sub-linhagem BQ.1 (e suas descendentes, em particular a BQ.1.1)**, a qual é **dominante desde a semana 44** (**Figura 2**). Até à data, foram identificadas 36 seqüências da sub-linhagem recombinante XBB em Portugal. Entre estas, realça-se a **deteção de uma seqüência da sub-linhagem XBB.1.5 na semana 49**. Esta sub-linhagem tem suscitado elevado interesse devido à sua capacidade de evasão ao sistema imunitário e ao seu recente aumento de frequência em vários países, nomeadamente nos EUA.



semanas 51-52

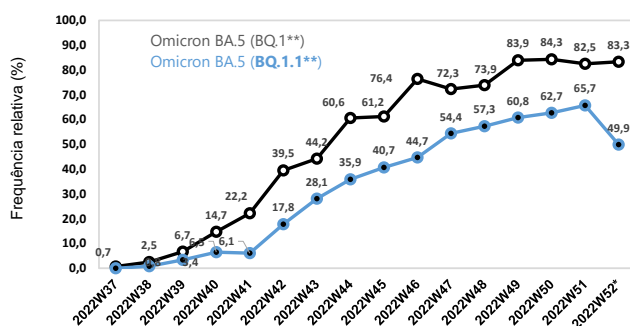


Figura 2: Evolução da frequência relativa da sub-linhagem BQ.1 e suas descendentes BQ.1.1 em Portugal. O gráfico circular mostra a distribuição da frequência relativa de sub-linhagens de SARS-CoV-2 no período das semanas 51 e 52 (entre 19 de dezembro de 2022 e 1 de janeiro de 2023), destacando as sub-linhagens que representam mais de 5% das seqüências analisadas neste período. A evolução de BQ.1** e BQ.1.1** nas últimas 16 semanas é ilustrada no gráfico de linhas. É de esperar a existência de algumas flutuações nas frequências apresentadas para a última semana em análise (semana ISO 52*), na medida em que ainda estão a ser apurados dados relativos a esse período. ** As frequências apresentadas são relativas às sub-linhagens e suas descendentes. *Consulte no website outros gráficos de forma interativa.*

Autoria

Núcleo de Genómica e Bioinformática
Departamento de Doenças Infecciosas
INSTITUTO NACIONAL DE SAÚDE DOUTOR RICARDO JORGE
Avenida Padre Cruz, 1649-016 Lisboa, PORTUGAL

Citação recomendada

Instituto Nacional de Saúde (INSA) Dr. Ricardo Jorge.
Diversidade genética do novo coronavírus SARS-CoV-2 (COVID-19) em Portugal. Lisboa, Portugal INSA; 2022. Disponível em: <https://insaflu.insa.pt/covid19>

Links úteis

<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/situation-updates/variants-dashboard>
<https://www.who.int/activities/tracking-sars-cov-2-variants>
<https://covid-lineages.org/lineage-list.html>
<https://outbreak.info/>
<https://www.gisaid.org/>