

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

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



Relatório de situação

20 de fevereiro de 2023

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. analisou até à data **45388** sequências do genoma do vírus SARS-CoV-2.

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

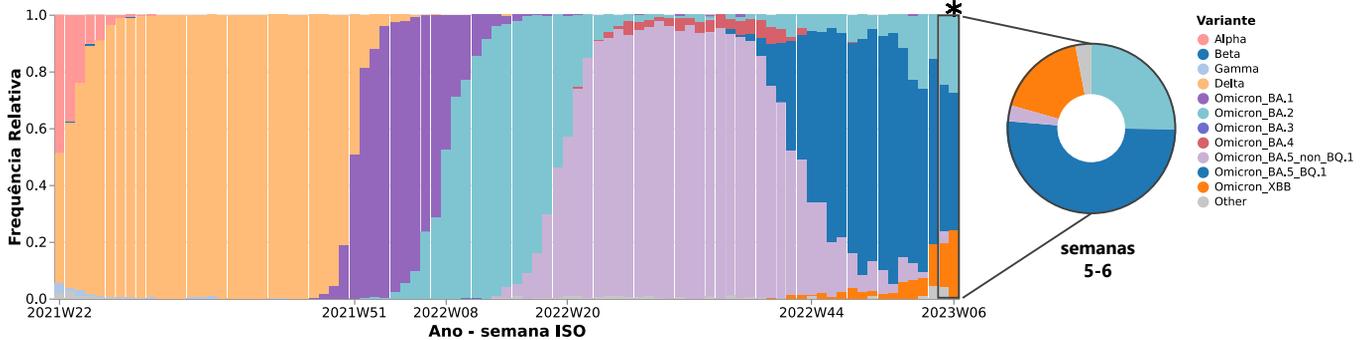


Figura 1: Evolução da frequência relativa semanal das variantes de SARS-CoV-2 em circulação em Portugal entre as semanas ISO 22 (31/05/21 a 06/06/21) e 6 (06/02/2023 a 12/02/2023), com foco nas duas últimas semanas. É de esperar a existência de algumas flutuações nas frequências apresentadas para a última semana em análise (semana ISO 6*), 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), sendo que, a partir da semana 44, a sua intensa circulação é devida sobretudo à sua **sub-linhagem BQ.1 (e suas descendentes, em particular a BQ.1.1)** (Figura 1 e Figura 2). Desde a semana 52 de 2022 (26/12/22 a 01/01/23) a linhagem BA.5 tem vindo a apresentar um decréscimo contínuo na sua **frequência relativa, atingindo os 54,2%** de acordo com a mais recente amostragem aleatória por sequenciação entre as semanas 5 e 6 (30/01/23 a 12/02/23) (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)**, mantendo uma frequência relativa residual durante o período de dominância da linhagem BA.5 (Figura 1). No entanto, desde semana 51 de 2022 (19/12/22 a 25/12/22), tem registado um progressivo aumento de frequência sobretudo devido à circulação da **linhagem CH.1.1 (e suas sub-linhagens)**, a qual representou 23,7% das sequências analisadas entre as semanas 5 e 6 (Figura 2).
- Desde a semana 1 de 2023, destaca-se o aumento de circulação da **sub-linhagem recombinante XBB** (e suas descendentes), a qual registou uma **frequência relativa de 17,6%** entre as semanas 5 e 6 (Figura 1). Em particular, realça-se a circulação em Portugal da sua **sub-linhagem XBB.1.5 desde a semana 49 de 2022** (Figura 2).
- As sub-linhagens com maior frequência relativa em Portugal atualmente (BQ.1, CH.1.1, XBB e suas descendentes) apresentam constelações de mutações potencialmente associadas à resistência a anticorpos neutralizantes. Assim, a sua maior transmissibilidade poderá dever-se a uma maior capacidade de evasão ao sistema imunitário.

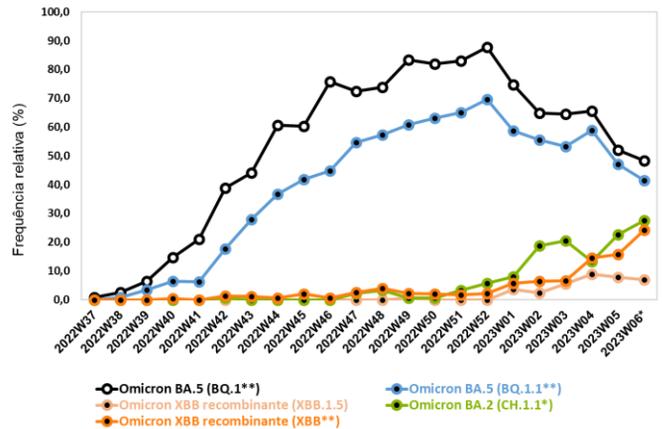
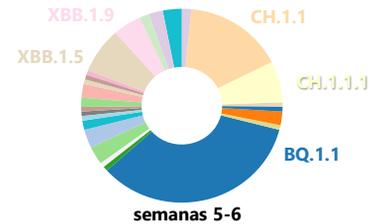


Figura 2: Evolução da frequência relativa de algumas sub-linhagens de interesse a circular em Portugal. O gráfico circular mostra a distribuição da frequência relativa de sub-linhagens de SARS-CoV-2 no período das semanas 5 e 6 (entre 30 de janeiro a 12 de fevereiro de 2023), destacando as sub-linhagens que representam mais de 4% das sequências analisadas neste período. A evolução de BQ.1.1*, CH.1.1*, XBB** e XBB.1.5 nas últimas 22 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 6*), 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://insafllu.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://cov-lineages.org/lineage-list.html>
<https://outbreak.info/>
<https://www.gisaid.org/>