

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

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



Relatório de situação

02 de maio de 2023

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. analisou até à data **46589** seqüências do genoma do vírus SARS-CoV-2.

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

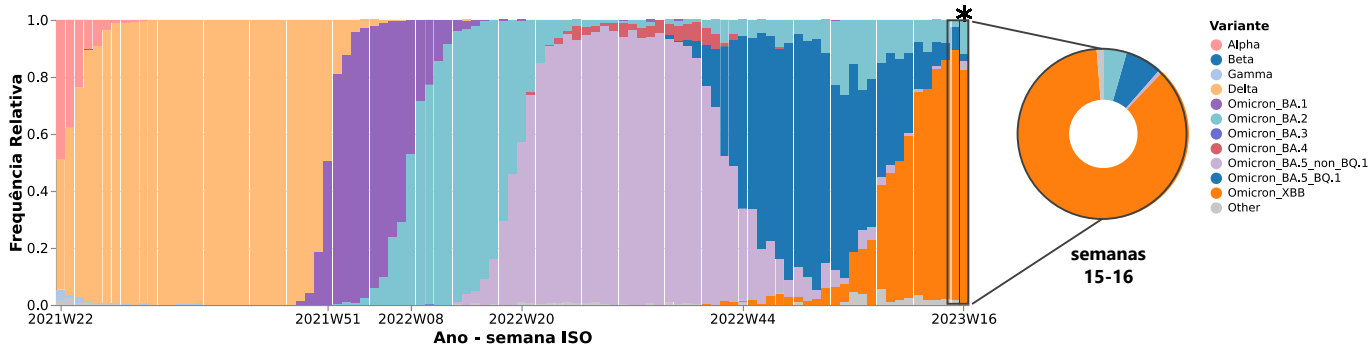


Figura 1: Evolução da frequência relativa semanal das variantes de SARS-CoV-2 em circulação em Portugal entre as semanas ISO 22 (31/05/21 a 06/06/21) e 16 (17/04/23 a 23/04/23), com foco nas duas últimas semanas. É de esperar a existência de algumas flutuações nas frequências apresentadas para a última semana em análise (semana ISO 16*), 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) **foi dominante em Portugal entre as semanas 19 de 2022 (09-15/05/22) e 7 de 2023 (13-19/02/23)**, sendo que, a partir da semana 44 de 2022, a sua intensa circulação foi devida sobretudo à sua sub-linhagem **BQ.1 (e suas descendentes, em particular a BQ.1.1)** (Figura 1 e Figura 2). A **linhagem BA.5** tem vindo a apresentar um decréscimo contínuo na sua **frequência relativa desde a semana 52 de 2022, atingindo os 7,7%** entre as semanas 15 e 16 (10/04/23 a 23/04/23) (Figura 1).
- Em 2022, a **linhagem BA.2 da variante Omicron foi dominante em Portugal entre as semanas 8 (21-27/02/22) e 19 (09-15/05/22)**, tendo mantido uma frequência relativa residual durante o período de dominância da linhagem BA.5 (Figura 1). Registou um aumento de frequência entre as semanas 51 de 2022 e 3 de 2023, sobretudo devido à circulação da **linhagem CH.1.1 (e suas sub-linhagens)** (Figura 2). Desde esse período, a frequência relativa da **linhagem BA.2** tem vindo a decrescer, registando **4,5%** entre as semanas 15 e 16.
- Desde a semana 1 de 2023, tem-se registado um marcado aumento de circulação **da sub-linhagem recombinante XBB (e suas descendentes)**, a qual se tornou **dominante em Portugal na semana 10 (Figura 1)**. Na última amostragem, registou uma **frequência relativa de 86,6%** (semanas 15 e 16), maioritariamente devido às suas **sub-linhagens XBB.1.5 e XBB.1.9 (e suas descendentes)** (Figura 2).
- As sub-linhagens com maior frequência relativa em Portugal atualmente (nomeadamente a XBB e as 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.

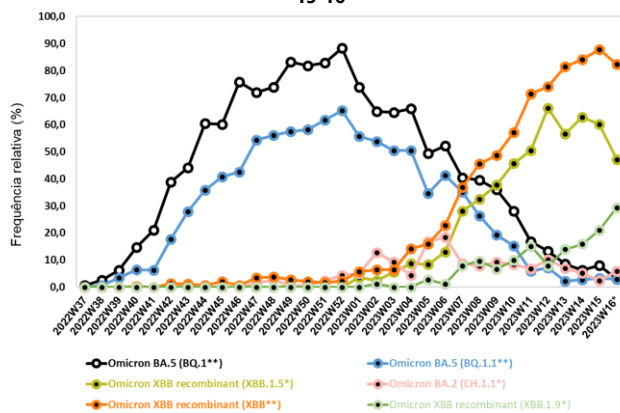
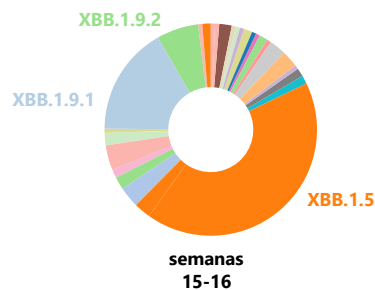


Figura 2: Evolução da frequência relativa de algumas sub-linhagens de interesse a circular em Portugal. O gráfico circular mostra a distribuição da frequência relativa de sub-linhagens de SARS-CoV-2 no período das semanas 15 e 16 (entre 10 e 23 de Abril de 2023), **destacando as sub-linhagens que representam mais de 5% das seqüências analisadas neste período.** A evolução de BQ.1**, BQ.1.1**, CH.1.1**, XBB** e XBB.1.5* nas últimas 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 16*), 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://cov-lineages.org/lineage-list.html>
<https://outbreak.info/>
<https://www.gisaid.org/>