

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

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



Relatório de situação

29 de agosto de 2023

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. analisou até à data **48120** seqüências do genoma do vírus SARS-CoV-2.

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

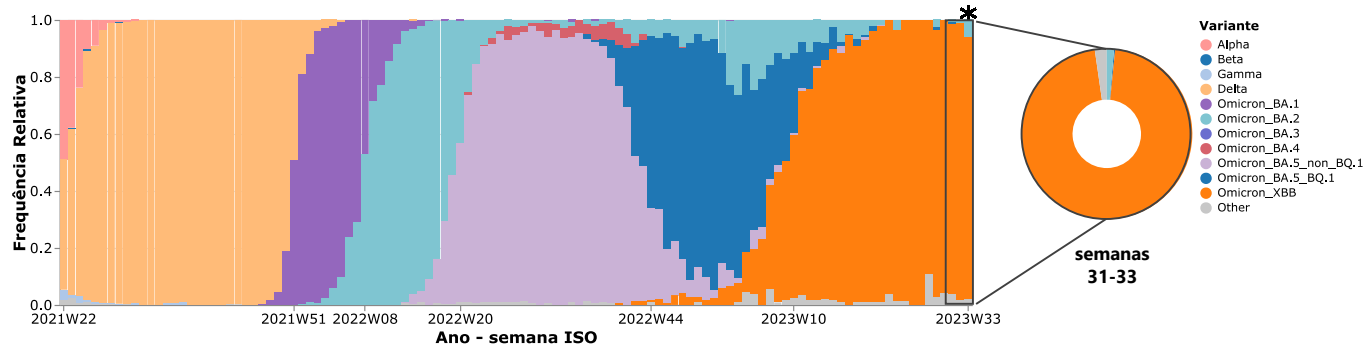


Figura 1: Evolução da frequência relativa semanal das variantes de SARS-CoV-2 em circulação em Portugal entre as semanas ISO 22/2021 (31/05/21 a 06/06/21) e 33/2023 (14/08/23 a 20/08/23), com foco nas últimas semanas. É de esperar a existência de algumas flutuações nas frequências apresentadas para a última semana em análise (semana ISO 33*), 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 recombinante XBB** (e suas descendentes) tem registado um marcado aumento de circulação desde o início de 2023, tendo-se tornado **dominante em Portugal na semana 10** (Figura 1). Na última amostragem, registou uma **frequência relativa de 96,15%** (semanas 31 a 33), maioritariamente devido às suas **sub-linhagens XBB.1.5, XBB.1.9 e XBB.1.16 (e suas descendentes)** (Figura 2). Destaca-se que a sub-linhagem XBB.1.9 (em particular a sua descendente EG.5.1 e suas sublinhagens) tem revelado um considerável aumento de frequência em Portugal, representando cerca de 50,3% das seqüências analisadas nas últimas três semanas (semanas 31 a 33).
- 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)**. 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 1 e Figura 2). Desde esse período, a frequência relativa da **linhagem BA.2** tem-se reduzido, registando **1,36% entre as semanas 31 e 33**.
- Destaca-se a identificação de **2 seqüências da linhagem BA.2.86** em Portugal, na semana 33. Esta sub-linhagem já foi detetada em alguns países e tem suscitado interesse internacional devido ao seu perfil mutacional que representa um “salto evolutivo” em relação à sua ancestral BA.2, sendo também divergente em termos de perfil antigénico da actual variante dominante (XBB). O impacto destas mutações na transmissibilidade e/ou severidade da doença está ainda por esclarecer.

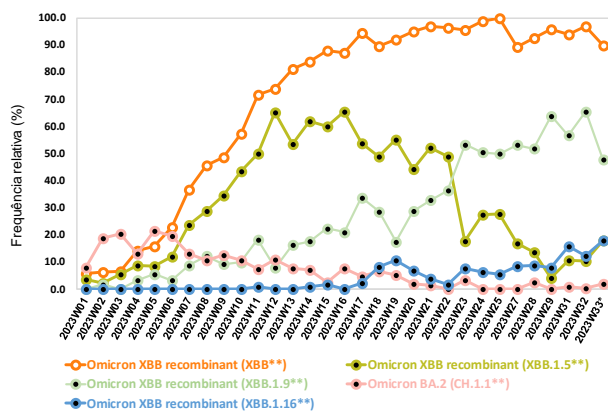
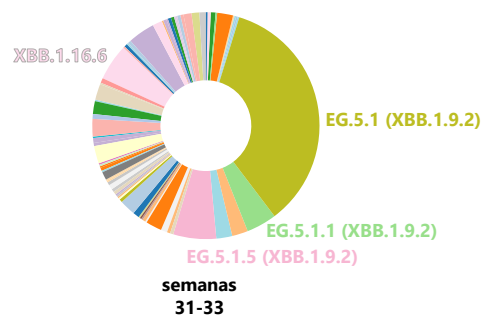


Figura 2: Evolução da frequência relativa de algumas sub-linhagens de interesse a circular em Portugal. O gráfico circular mostra a distribuição da frequência relativa de sub-linhagens de SARS-CoV-2 no período das semanas 31 e 33 (entre 31 de julho a 20 de agosto de 2023), destacando as sub-linhagens que representam mais de 4% das seqüências analisadas neste período. A evolução de CH.1.1*, XBB**, XBB.1.5**, XBB.1.9** e XBB.1.16** 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 33*), 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/>