

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

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



Relatório de situação

24 de Outubro de 2023

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. analisou até à data **48617** seqüências do genoma do vírus SARS-CoV-2.

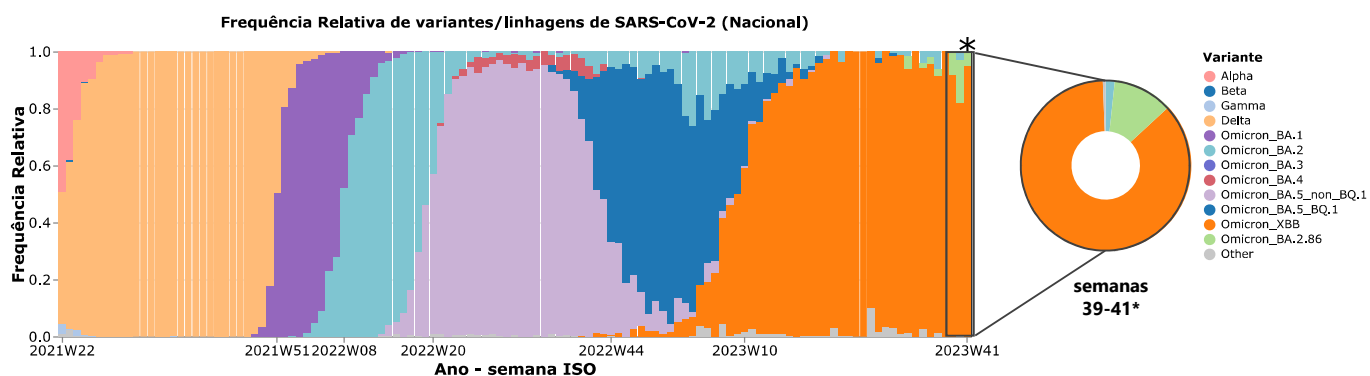


Figura 1: Evolução da frequência relativa semanal das variantes de SARS-CoV-2 em circulação em Portugal entre as semanas ISO 22/2021 (31/05/21 a 06/06/21) e 41/2023 (09/10/23 a 15/10/23), com foco nas últimas semanas. É de esperar a existência de algumas flutuações na frequência apresentadas para a última semana em análise (semana ISO 41*), 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 86,36%** (semanas 39 a 41), maioritariamente devido às suas **sub-linhagens XBB.1.5, XBB.1.9 e XBB.1.16 (e suas descendentes)** (Figura 2). Destaca-se a sub-linhagem XBB.1.9 (em particular a sua descendente EG.5.1 e suas sub-linhagens), a qual regista uma frequência relativa acima de 50% desde a semana 23. Entre as descendentes da EG.5.1, destaca-se a deteção recente em Portugal da HV.1, que tem apresentado uma tendência fortemente crescente em alguns países.
- A **linhagem BA.2** da variante *Omicron* foi dominante em Portugal nos primeiros meses de 2022, tendo, desde então, mantido uma circulação discreta. Recentemente, **apresenta novamente uma frequência relativa com tendência crescente sobretudo devido ao surgimento da linhagem BA.2.86 (e suas descendentes)**. A sua frequência relativa **atingiu 11,4% entre as semanas 39 e 41**, sobretudo devido à circulação da sua sub-linhagem JN.1. A linhagem BA.2.86 tem sido detetada em vários países, suscitando interesse internacional devido ao seu perfil mutacional. Este perfil representa um “salto evolutivo” em relação à sua ancestral BA.2, sendo também divergente em termos antigénicos da atual variante dominante (XBB). Estas características conferem-lhe uma maior capacidade de fuga ao sistema imunitário, e, potencialmente, uma maior transmissibilidade.

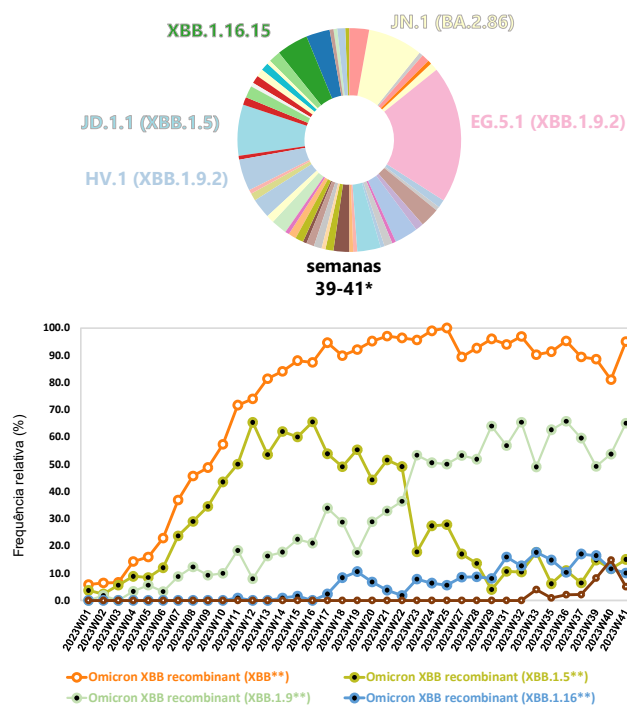


Figura 2: Evolução da frequência relativa de algumas sub-linhagens de interesse a circular em Portugal. O gráfico circular mostra a distribuição da frequência relativa de sub-linhagens de SARS-CoV-2 no período das semanas 39 e 41 (entre 25 de setembro a 15 de outubro de 2023), destacando as sub-linhagens que representam mais de 4% das seqüências analisadas neste período. A evolução de XBB**, XBB.1.5**, XBB.1.9** e BA.2.86** 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 41*), 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-1st.html>
<https://outbreak.info/>
<https://www.gisaid.org/>