

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

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



Relatório de situação

16 de janeiro de 2024

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. analisou até à data **49045** seqüências do genoma do vírus SARS-CoV-2.

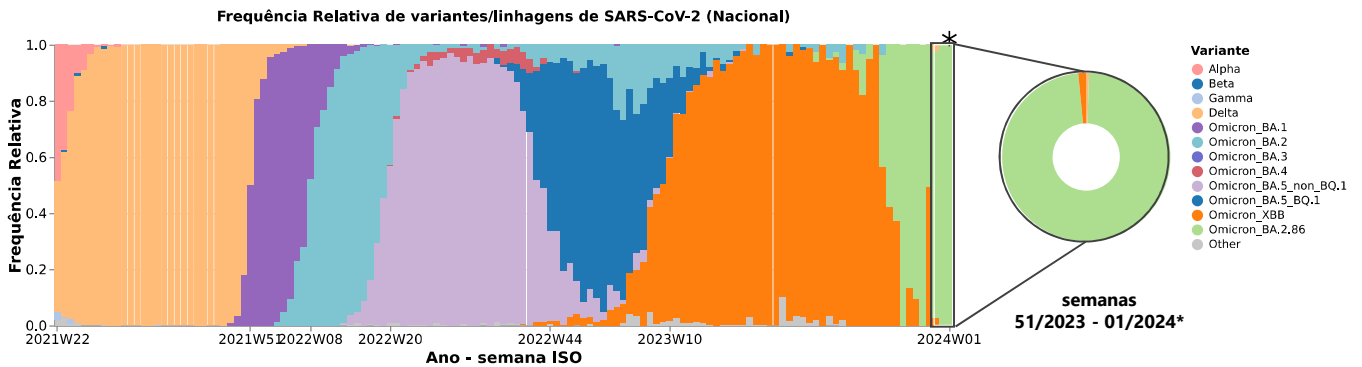


Figura 1: Evolução da frequência relativa semanal das variantes de SARS-CoV-2 em circulação em Portugal entre as semanas ISO 22/2021 (31/05/21 a 06/06/21) e 01/2024 (01/01/24 a 07/01/24), com foco nas últimas 3 semanas. *A interpretação das frequências relativas apresentadas neste período (semana ISO 50/2023 a 01/2024), deve ter em conta a baixa amostragem atual. **Consulte no website este e outros gráficos de forma interativa.**

Principais destaques

- A **linhagem recombinante XBB** (e suas descendentes) foi **dominante em Portugal** desde semana 10 de 2023 até à semana 43 (**Figura 1**), registando uma tendência decrescente desde então. Na última amostragem (semanas 51/2023 a 01/2024), registou uma **frequência relativa de 1,5%**, maioritariamente devido à sua **sub-linhagem XBB.1.9** (e suas descendentes) (**Figura 2**).
- A **linhagem BA.2** da variante *Omicron* foi dominante em Portugal nos primeiros meses de 2022, tendo mantido uma circulação discreta desde então, até ao surgimento da sua **sub-linhagem BA.2.86**, a qual é **dominante em Portugal desde a semana 44 de 2023**. Entre as semanas 51/2023 e 01/2024, apresenta uma **frequência relativa de 97,9%** (**Figura 1**), sobretudo devido à circulação da sua sub-linhagem **JN.1** (**Figura 2**). A linhagem BA.2.86 tem suscitando interesse internacional devido ao seu perfil mutacional, o qual representa um "salto evolutivo" em relação à sua ancestral BA.2, sendo também divergente em termos antigénicos das variantes XBB. Estas características conferem-lhe uma maior capacidade de fuga ao sistema imunitário, e, potencialmente, uma maior transmissibilidade.
- É sabido que infeções prolongadas, particularmente em pacientes imunocomprometidos, podem levar a uma atípica elevada acumulação de mutações ao longo do tempo, nomeadamente na proteína *Spike*. A semelhança de outros casos já detetados de infeções prolongadas, **destaca-se a identificação de 1 caso da linhagem AY.124 da variante Delta, na semana 51 de 2023, referente a um doente imunocomprometido**. Em Portugal, não são detetadas em circulação linhagens da variante *Delta* desde abril de 2022. O caso encontra-se sob investigação.

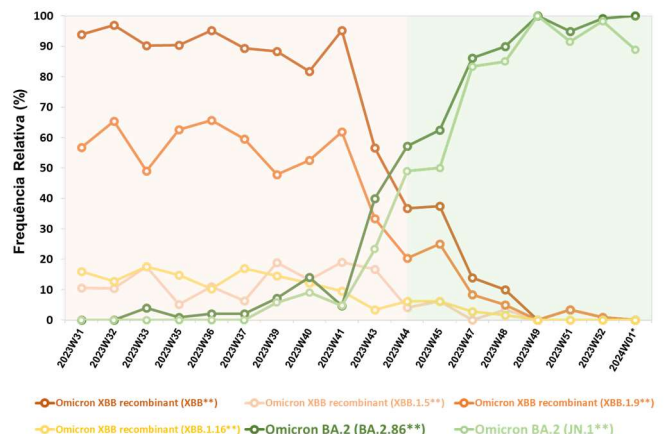
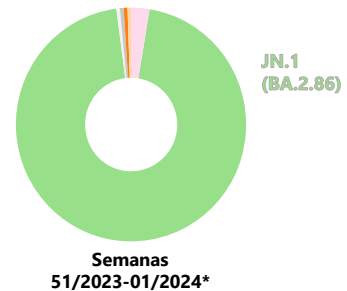


Figura 2: Evolução da frequência relativa de algumas sub-linhagens de interesse a circular em Portugal. O gráfico circular mostra a distribuição da frequência relativa de sub-linhagens de SARS-CoV-2 no período das semanas 51/2023 e 01/2024 (entre 11 de dezembro de 2023 a 07 de janeiro de 2024). A evolução de XBB, XBB.1.5, XBB.1.9, XBB.1.16, BA.2.86 e JN.1 nas últimas semanas é ilustrada no gráfico de linhas. *A interpretação das frequências relativas apresentadas neste período (semana ISO 51/2023 a 01/2024), deve ter em conta a baixa amostragem atual. **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/>