

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

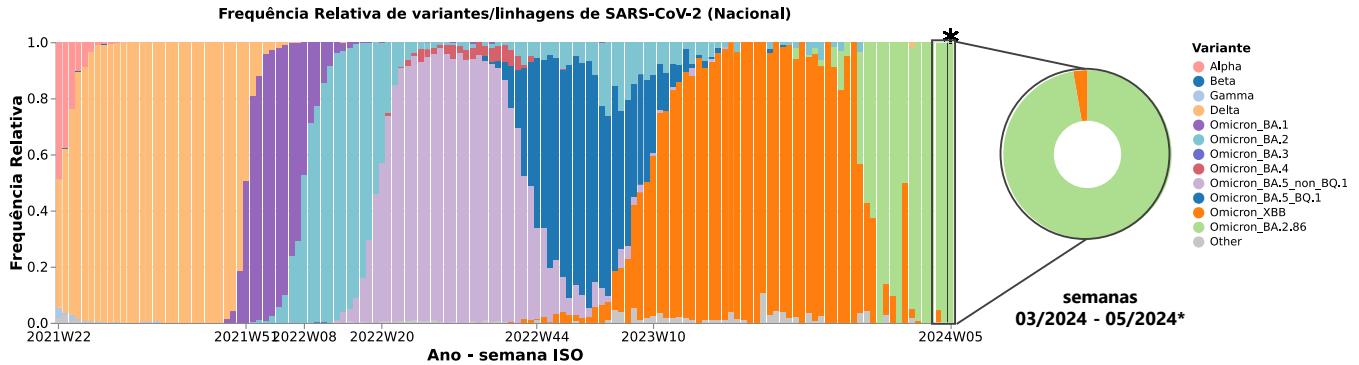
Mais informações em <https://insaflu.insa.pt/covid19>



## Relatório de situação

12 de fevereiro de 2024

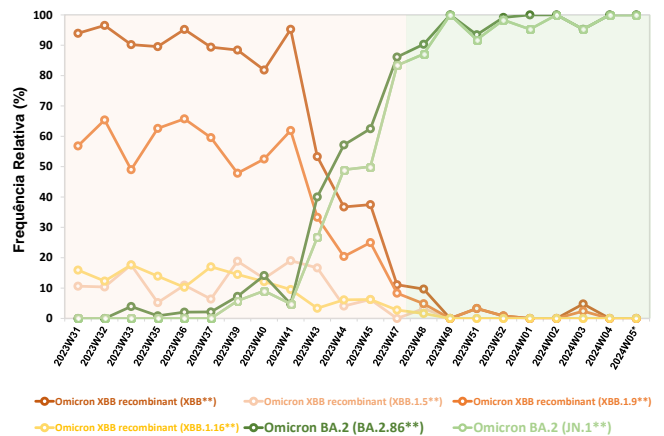
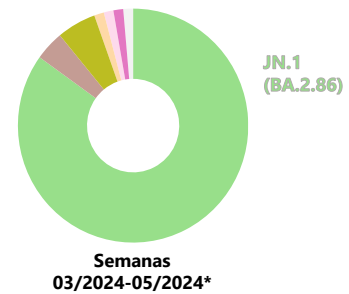
O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. analisou até à data **49132** seqüências do genoma do vírus SARS-CoV-2.



**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 05/2024 (29/01/24 a 04/02/24), com foco nas últimas 3 semanas. \*A interpretação das frequências relativas apresentadas neste período (semana ISO 03/2024 a 05/2024), 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 03/2024 a 05/2024), registou uma **frequência relativa de 2,7%** (**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 03/2024 e 05/2024, apresentou uma **frequência relativa de 97,3%** (**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.
- Infeções prolongadas por SARS-CoV-2 (nomeadamente em pacientes imunocomprometidos) podem levar a uma atípica elevada acumulação de mutações ao longo do tempo, nomeadamente na proteína *Spike*. Neste âmbito, destaca-se: i) a **não deteção de circulação comunitária da linhagem AY.124** da variante *Delta* identificada em Portugal (relatório anterior); e, ii) **ausência de identificação da linhagem BA.2.87 em Portugal**, a qual representa também um novo salto evolutivo do vírus SARS-CoV-2, tendo sido recentemente identificada com circulação comunitária na África do Sul.



**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 03/2024 e 05/2024 (entre 15 de janeiro de 2024 a 04 de fevereiro 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 03/2024 a 05/2024), 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://cov-lineages.org/lineage_list.html)  
<https://outbreak.info/>  
<https://www.gisaid.org/>