

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 março de 2024

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. analisou até à data **49167** sequências do genoma do vírus SARS-CoV-2.

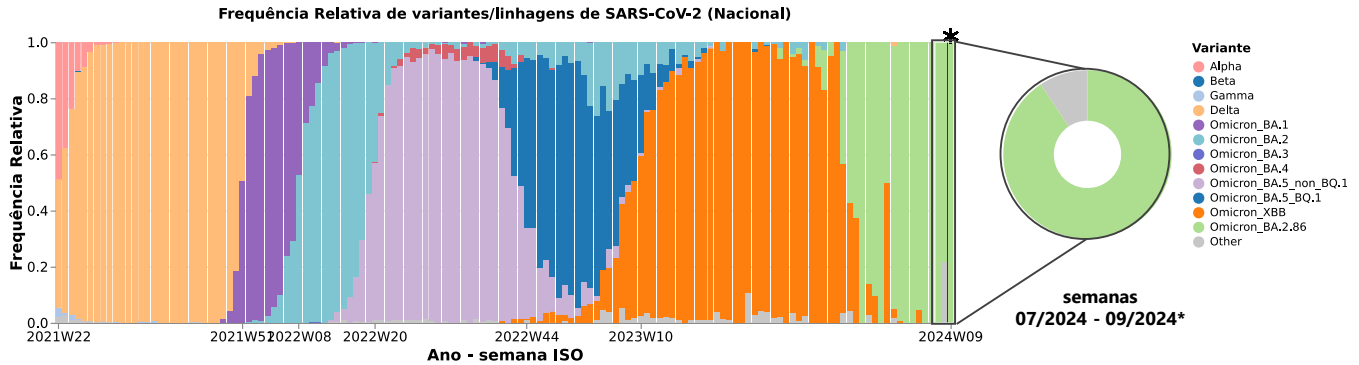


Figura 1: Evolução da frequência relativa semanal das variantes de SARS-CoV-2 em circulação em Portugal entre as semanas ISO 22/2021 (31/05/21 a 06/06/21) e 09/2024 (26/02/24 a 03/03/24), com foco nas últimas 3 semanas. *A interpretação das frequências relativas apresentadas neste período (semana ISO 07/2024 a 09/2024), deve ter em conta a baixa amostragem atual. Consulte no website este e outros gráficos de forma interativa.

Principais destaques

- A **linhagem XBB** (e suas descendentes) foi **dominante em Portugal** desde semana 10 até à semana 43 de 2023 (Figura 1), registando uma tendência decrescente desde então. Na última amostragem (semanas 07/2024 a 09/2024), não foi detetada qualquer sequência desta linhagem (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**. Esta sub-linhagem é **dominante em Portugal desde a semana 44 de 2023**, tendo apresentado uma **frequência relativa de 90,6%** na última amostragem, entre as semanas 07/2024 e 09/2024 (Figura 1). Circulam maioritariamente em Portugal a sua sub-linhagem JN.1 e descendentes (Figura 2).
- Na última amostragem (semanas 07/2024 a 09/2024) destaca-se ainda a deteção de uma **linhagem recombinante** descrita recentemente, **XDS** (Figura 2), a qual reflete um **mosaico genómico entre as linhagens XBB e BA.2.86**. Apesar de representar ~10% das sequências analisadas e ter sido detetada em mais do que uma região geográfica, a baixa amostragem atual impede conclusões mais definitivas sobre a dimensão da sua circulação em Portugal nesta fase. Até à data, a XDS foi apenas reportada em 9 países, pelo que o seu impacto a nível internacional é também incerto.
- Todas as linhagens detetadas na última amostragem (i.e., sub-linhagens BA.2.86 e a recombinante XDS) apresentam um perfil mutacional semelhante na *Spike* ("BA.2.86-like"), o qual é consideravelmente divergente da linhagem anteriormente dominante (XBB). Este perfil confere-lhes maior capacidade de fuga ao sistema imunitário, e, potencialmente, maior transmissibilidade.

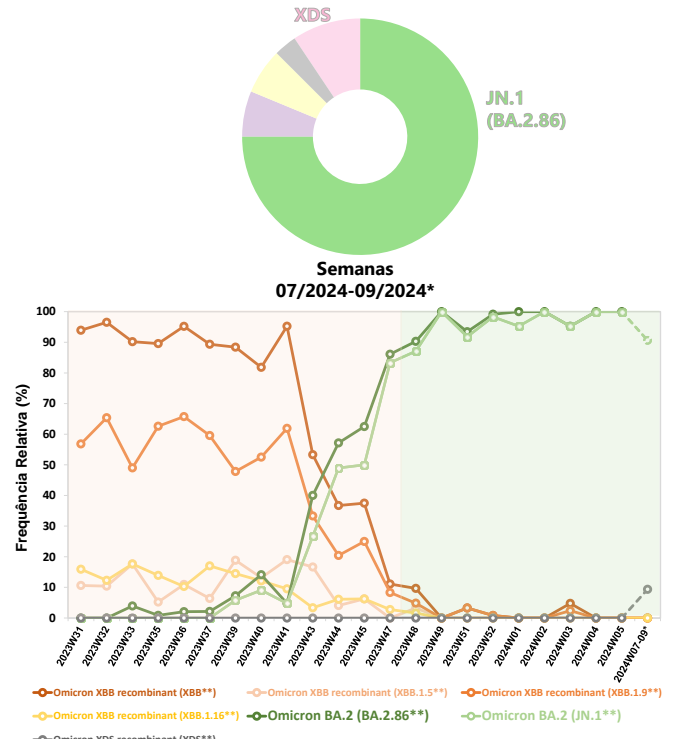


Figura 2: Evolução da frequência relativa de algumas sub-linhagens de interesse a circular em Portugal. O gráfico circular mostra a distribuição da frequência relativa de sub-linhagens de SARS-CoV-2 no período das semanas 07/2024 a 09/2024 (entre 12 de fevereiro de 2024 a 03 de março de 2024). A evolução de XBB, XBB.1.5, XBB.1.9, XBB.1.16, BA.2.86, JN.1 e XDS nas últimas semanas é ilustrada no gráfico de linhas. *A interpretação da frequência relativa apresentada neste período (semana ISO 07/2024 a 09/2024) 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/>