

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

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



Relatório de situação

13 de agosto de 2024

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. analisou até à data **50070** sequências do genoma do vírus SARS-CoV-2.

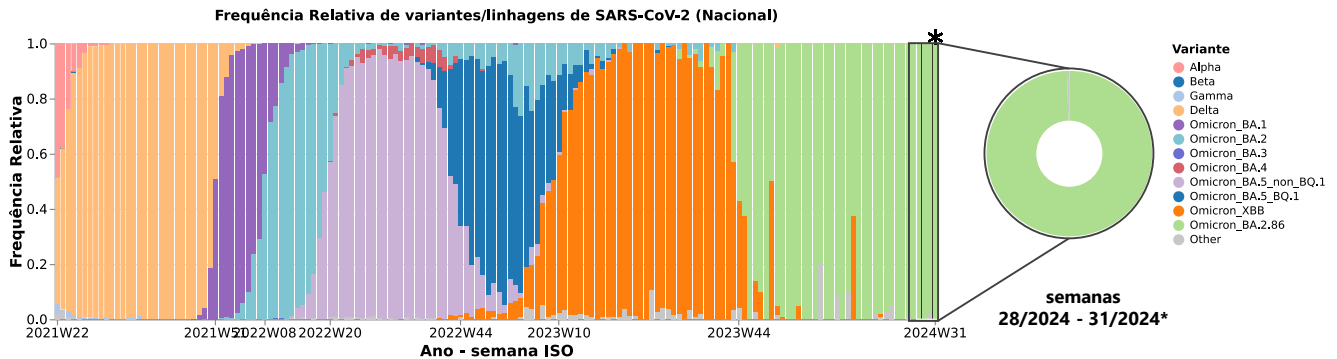


Figura 1: Evolução da frequência relativa semanal das variantes de SARS-CoV-2 em circulação em Portugal entre as semanas ISO 22/2021 (31/05/21 a 06/06/21) e 31/2024 (29/07/24 a 04/08/24), com foco nas últimas semanas. *As frequências relativas apresentadas referem-se ao período entre as semanas ISO 28/2024 a 31/2024. **Consulte no website este e outros gráficos de forma interativa.**

Principais destaques

- A **linhagem XBB** (e suas descendentes) foi **dominante em Portugal** desde a semana 10 até à semana 43 de 2023 (**Figura 1**), registando uma tendência decrescente desde então. Na última amostragem (semanas 28/2024 a 31/2024), 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 99,5%** na última amostragem, entre as semanas 28/2024 e 31/2024 (**Figura 1**). Circulam maioritariamente em Portugal a sua sub-linhagem JN.1 e descendentes (**Figura 2**). Entre as últimas destaca-se o **considerável aumento de circulação da sub-linhagem KP.3**, a qual representou **80,7%** das sequências analisadas entre as semanas 28/2024 e 31/2024. A sub-linhagem KP.3, bem como outras sub-linhagens em circulação (p.ex. KP.1 e KP.2), inclui-se na lista de variantes sob monitorização pelo ECDC (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>) (**Figura 2**).
- A maioria das linhagens detetadas na última amostragem 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.

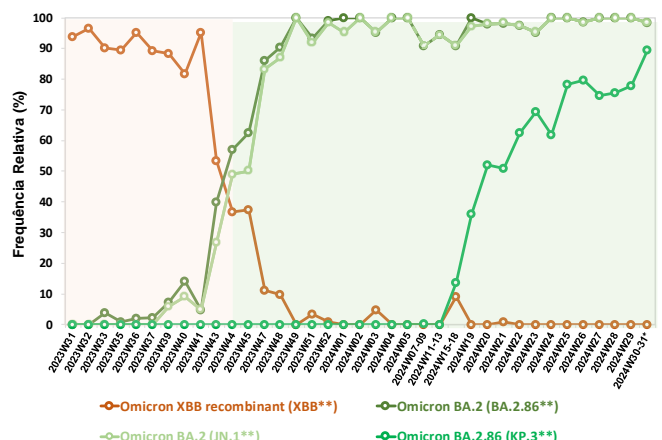
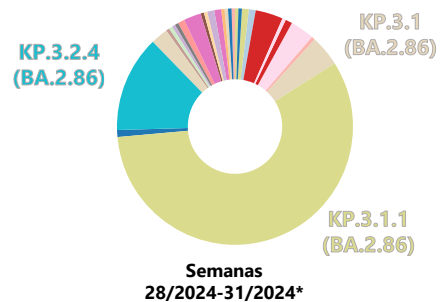


Figura 2: Evolução da frequência relativa de algumas sub-linhagens de interesse a circular em Portugal. O gráfico circular mostra a distribuição da frequência relativa de sub-linhagens de SARS-CoV-2 no período das semanas 28/2024 a 31/2024 (entre 08 de julho a 04 de agosto de 2024) destacando as sub-linhagens que representam mais de 5% das sequências analisadas neste período. A evolução de XBB, BA.2.86, JN.1 e KP.3 nas últimas semanas é ilustrada no gráfico de linhas. **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/>