

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

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



Relatório de situação

10 de setembro de 2024

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P. analisou até à data **50286** seqüências do genoma do vírus SARS-CoV-2.

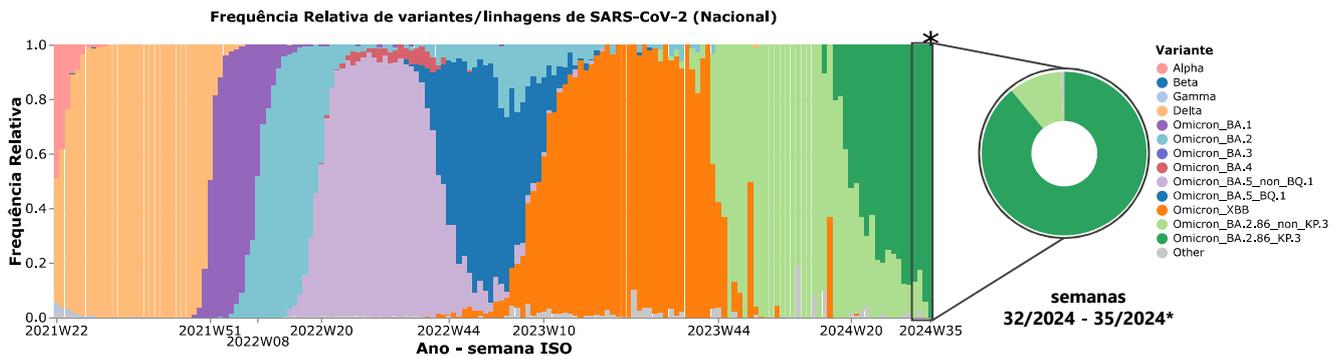


Figura 1: Evolução da frequência relativa semanal das variantes de SARS-CoV-2 em circulação em Portugal entre as semanas ISO 22/2021 (31/05/21 a 06/06/21) e 35/2024 (26/08/24 a 01/09/24), com foco nas últimas semanas. *As frequências relativas apresentadas referem-se ao período entre as semanas ISO 32/2024 a 35/2024. [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. Não é detetada qualquer seqüência desta linhagem desde a semana 21 de 2024.
- 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%** na última amostragem, entre as semanas 32/2024 e 35/2024 (**Figura 1**). Circulam maioritariamente em Portugal a sua sub-linhagem KP.3 e descendentes (**Figura 2**). Entre as últimas destaca-se o **considerável aumento de circulação da sub-linhagem KP.3.1.1**, a qual representou **76.2%** das seqüências analisadas entre as semanas 32/2024 e 35/2024. 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.

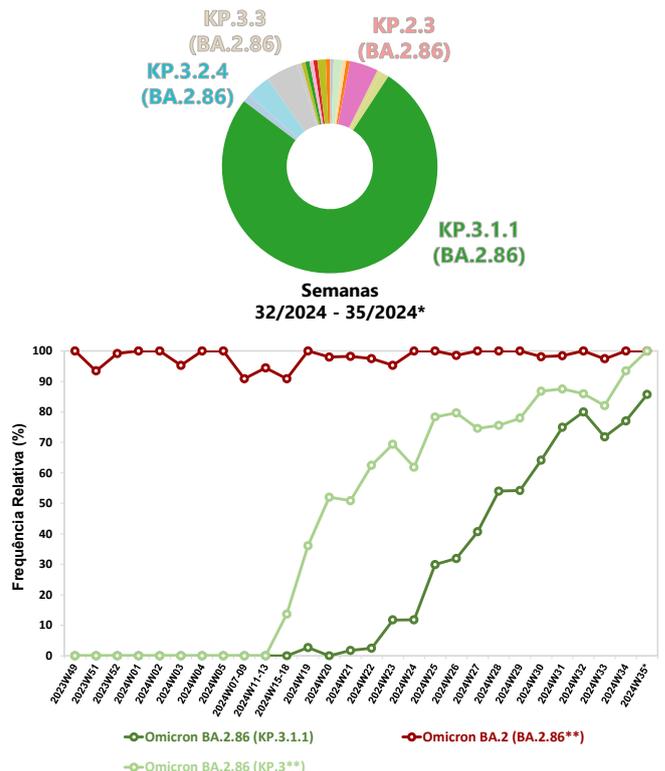


Figura 2: Evolução da frequência relativa de algumas sub-linhagens de interesse a circular em Portugal. O gráfico circular mostra a distribuição da frequência relativa de sub-linhagens de SARS-CoV-2 no período das semanas 32/2024 e 35/2024 (entre 05 de agosto a 01 de setembro de 2024) destacando as sub-linhagens com maior frequência, das seqüências analisadas neste período. A evolução de BA.2.86, KP.3 e KP.3.1.1 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/>