

VÍRUS INFLUENZA

Fernanda de-Paris

Revista HCPA. 2013;33(1):108-109

Laboratório de Biologia Molecular,
Serviço de Patologia Clínica,
Hospital de Clínicas de Porto Alegre,
Porto Alegre, RS, Brasil.

Um dos registros mais antigos da gripe descrita como doença é de autoria de Hipócrates, em meados do ano 412 a.C. Desta forma, seu agente etiológico, o vírus influenza, tem circulação entre a população humana há muito tempo. Entretanto, o primeiro isolamento do vírus influenza humano ocorreu somente em 1933, realizado por Smith, Andrewes e Laidlaw, pesquisadores do “National Institute for Medical Research” – Londres. Este vírus isolado foi considerado o primeiro vírus influenza humano e denominado de “influenza A”. Atualmente, conhecemos três diferentes gêneros de influenza: A, B e C. Estes três gêneros podem causar doença entre os seres humanos, porém o influenza A destaca-se dos demais por apresentar maior variabilidade genética. Esta variabilidade possibilita que este vírus seja agente de grandes epidemias ou pandemias. Além disso, apesar das taxas de mortalidade relacionadas ao influenza normalmente se apresentarem baixas, sua natureza de rápida transmissão interpessoal por secreções respiratórias e sua ampla distribuição geográfica colocam-no entre os que poderiam infectar 30% da população mundial em poucos meses. Assim, mesmo com uma taxa de mortalidade girando em torno de 2%, uma cepa viral com alto potencial de transmissibilidade poderia causar um número de até 135 milhões de mortes na população mundial em um período de um ano durante um surto pandêmico. Esta cifra é cerca de quatro vezes o total de

mortalidade atribuído ao HIV-1 nos últimos 30 anos.

A variabilidade do influenza A é devida a dois fatores: a configuração de seu genoma (genoma segmentado) e a circulação deste vírus entre animais (reservatórios animais). O genoma do influenza A, apesar de pequeno, codifica 11 proteínas. Entre as proteínas codificadas pelo influenza A existem duas glicoproteínas de superfície, nomeadas hemaglutinina (H ou HA) e neuraminidase (N ou NA). A primeira glicoproteína está relacionada à ligação do vírus à célula e à segunda a liberação de novos vírions para subsequente infecção celular. Estas duas glicoproteínas possuem vários sorotipos, sendo até agora descritos 16 diferentes hemaglutininas e nove neuraminidasas. As cepas virais são normalmente denominadas pelos sorotipos das glicoproteínas que apresentam em sua superfície como, por exemplo, influenza A (H5N1) ou influenza A (H1N1). As múltiplas cepas de influenza A são formadas tanto pela variabilidade das proteínas HA e NA, como pelo fato desse vírus infectar também animais. Assim, além da variação viral por acúmulo de mutações em ponto (chamada “drift”), o genoma segmentado possibilita trocas dos segmentos entre as diferentes cepas (chamada “shift”). Esses segmentos do genoma podem ser permutados entre diferentes cepas presentes em um mesmo hospedeiro, produzindo novas progênies virais. Essas variações ficam bastante ampliadas, uma vez que algumas cepas virais infectam animais como aves e mamíferos. Os animais

podem funcionar como reservatórios de segmentos do genoma viral totalmente diferentes daqueles que circulam entre a população humana. Quando uma nova cepa viral criada por “shift” ou por “drift” em um reservatório animal consegue cruzar a barreira entre espécies e infectar humanos, pode-se ter o início de uma pandemia. Infecção por cepas virais desconhecidas podem apresentar-se sob a forma de epidemias explosivas e com rápida disseminação. Assim, a causa fundamental de ocorrência das epidemias por influenza é a contínua geração de novas cepas, derivadas de cepas anteriores, para as quais os indivíduos apresentam pouca ou nenhuma imunidade.

Recentemente, em 2009, o mundo experimentou a primeira pandemia de gripe do século XXI que foi causada pela cepa influenza A/H1N1/Califórnia/2009, contendo genes de suínos, aves e humanos. Esta cepa foi chamada de influenza suína A (H1N1) e teve seus primeiros casos no México, em março de 2009. Os casos de influenza A (H1N1) se disseminaram rapidamente e a Organização Mundial da Saúde declarou oficialmente a pandemia de gripe em junho de 2009. No Brasil, a cepa influenza suína A (H1N1) vem sendo detectada desde 2009. Nos anos de 2009, 2011 e 2012 a circulação desta cepa foi intensa, enquanto ao longo do ano de 2010 raros casos foram relatados devido à participação maciça da população na campanha de vacinação.

A constante variabilidade gênica do vírus influenza está sempre gerando novos desafios. Em março de 2013, uma nova cepa do vírus influenza A foi descrita em países asiáticos. Esta cepa apresenta as proteínas hemaglutinina sorotipo 7 e neuraminidase sorotipo 9, sendo, portanto, denominada de influenza A (H7N9). Esta nova variante é uma recombinação de cepas circulantes entre aves que se mostrou com capacidade de infectar seres humanos. A maioria dos indivíduos infectados apresenta rápida progressão da

infecção para o trato respiratório inferior, sendo que já foram relatados óbitos. Ainda não foram descritos casos fora da Ásia, caracterizando uma epidemia geograficamente restrita. Além disso, a forma de transmissão deste vírus entre humanos ainda não foi estabelecida. De qualquer maneira, o surgimento desta nova variante também demonstra a grande variabilidade do vírus influenza.

Esta natureza imprevisível da gripe apresenta um desafio para a saúde pública, sendo a profilaxia por meio de programas de vacinação uma das ferramentas adotadas com o intuito de diminuir o impacto deste vírus sobre as populações-alvo. Assim, a vacinação anual com vacina trivalente é a medida primária de profilaxia contra o influenza humano. Essa vacina é normalmente composta por duas cepas de influenza A (as variantes mais recentes em circulação) e uma cepa de influenza B. No Brasil, a vacina trivalente é disponibilizada gratuitamente desde o ano de 2000 aos idosos (acima de 60 anos). A partir de 2010, ano pós-pandemia de influenza A (H1N1), a vacinação passou a ser indicada também para grupos prioritários com maior risco de complicações, visando contribuir para a redução da morbidade e mortalidade associada ao influenza. É importante salientar que a vacina atualmente oferecida não traz a cobertura para a cepa influenza A (H7N9). Outra questão é que outros tipos de vírus podem causar sintomas respiratórios semelhantes aos sintomas da gripe causada pelo vírus influenza. Sendo assim, cada um de nós deve sempre estar alerta para as medidas preventivas de controle de infecção com o objetivo de diminuir a disseminação do vírus influenza e dos demais vírus respiratórios. Ações como o uso de lenços descartáveis para cobrir a boca e o nariz ao espirrar ou tossir, a lavagem frequente de mãos e o uso do álcool gel podem ser de grande valia sob o ponto de vista de saúde pública.