

Nota Técnica

Nomenclatura do vírus Influenza

30 de novembro de 2022

Os vírus influenza estão entre os mais importantes agentes de infecção respiratória aguda na população humana, apresentam altas taxas de morbidade e mortalidade, constituindo uma carga significativa para os serviços de saúde com cerca de 3 a 5 milhões de casos de doença grave e cerca de 290.000 a 650.000 mortes anuais¹.

Caracterização genética do vírus influenza

Várias sequências genéticas do vírus influenza estão disponíveis em bancos de dados públicos, incluindo mais de 1.777.000 sequências disponíveis até o momento na Iniciativa Global para Intercâmbio de Dados de Influenza Aviária (GISAID do inglês “Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data”).

As sequências depositadas nessas bases de dados permitem comparar os genes dos vírus influenza que circulam atualmente com as informações genômicas dos vírus influenza mais antigos e aqueles que compõem as vacinas.

A caracterização genética é importante para o monitoramento da evolução do vírus influenza; identificar alterações genéticas que possam estar associadas à disseminação, gravidade ou resistência antiviral dos vírus influenza; avaliar a semelhança genética entre amostras de vírus circulantes e amostras das vacinas; monitorar alterações genéticas em vírus influenza circulantes em populações animais².

Dada a evolução contínua dos vírus influenza, são necessários dados de vigilância de alta qualidade e em tempo real, especificamente dados de sequência genética, para permitir que os tomadores de decisão de saúde pública gerem decisões sobre estratégias de prevenção e controle, como a composição da vacina contra a influenza³.

¹ OMS. Influenza (Seasonal). 2018 [updated 6 November 2018]. Disponível em: [https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(seasonal\)](https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal))

² CDC. Influenza Virus Genome Sequencing and Genetic Characterization. 2021 [updated 2 November 2021]. Disponível em: <https://www.cdc.gov/flu/about/professionals/genetic-characterization.htm>

³ Leite JA, et al. (2020) Genetic evolution of influenza viruses among selected countries in Latin America, 2017–2018. PLOS ONE 15(3): e0227962. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0227962>.

Nomenclatura do Vírus Influenza

A primeira recomendação da OMS sobre a nomenclatura do vírus influenza foi feita em 1953⁴, após algumas outras sugestões, baseadas nas características antigênicas, seguidas. Atualmente, o sistema de nomenclatura recomendado para o vírus influenza (Figura 1) deve indicar⁵:

- a) o tipo antigênico (A, B, C ou D)
- b) o hospedeiro não humano (por exemplo, suíno, equino, galinhas, etc.). Para os vírus de origem humana, não é dada qualquer designação de origem do hospedeiro.
- c) a localização geográfica onde a amostra foi coletada (por exemplo, Denver, Taiwan, etc.)
- d) o número da amostra (por exemplo, 7, 15, 875543, etc.)
- e) o ano de coleta da amostra (por exemplo, 1957, 2009, 2022, etc.)
- f) o subtipo de vírus influenza A (por exemplo, vírus influenza A(H1N1), vírus influenza A(H5N1)).

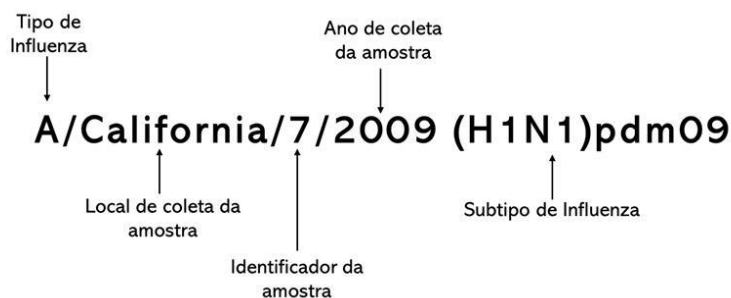


Figura 1: Nomenclatura do vírus influenza. O nome começa com o tipo de vírus influenza, seguido por onde o vírus foi coletado, o número da cepa do vírus (geralmente um identificador de amostra), o ano de coleta da amostra e, finalmente, o subtipo do vírus da gripe. *Fonte: OMS⁵, CDC⁶.*

O vírus pandêmico de 2009 recebeu um nome diferente: A(H1N1)pdm09 para distingui-lo dos vírus influenza sazonal A(H1N1) que circulavam antes da pandemia.

Quando os seres humanos estão infectados com vírus influenza que normalmente circulam entre suínos (porcos), esse vírus é chamado de "vírus variante" e é designado pela letra "v" (por exemplo, um vírus A(H3N2)v)⁶.

Exemplos:

A/swine/Dakota do Sul/152B/2009 (H1N2)
 A/equine/Texas/2/2021 (H3N8)
 A/duck/Nova Iorque/492/2010 (H5N2)
 A/ambiente/Wisconsin/1/2021 (H3N2)
 A/Rio de Janeiro/62434/2021 (H3N2)

A/Denver/1234/2020 A(H3N2)v
 A/California/04/2009 A(H1N1)pdm09
 B/Santiago/29615/2020
 C/Minnesota/10/2015

⁴ Chanock, R. H. et al. A Revised System of Influenza Virus Nomenclature: A Report of the WHO Study Group on Classification. *Virology* 47, Issue 3, 854-856 (1972). Disponível em: [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(72\)90580-6](https://doi.org/10.1016/0042-6822(72)90580-6).

⁵ OMS. A revision of the system of nomenclature for influenza viruses: a WHO Memorandum. *Bulletin of the World Health Organization*, 58 (4): 585-591 (1980). Disponível em: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/262025>.

⁶ CDC. Types of Influenza Viruses. 2021. [updated 2 November 2021]. Disponível em: <https://www.cdc.gov/flu/about/viruses/types.htm>

Iniciativa Global para Intercâmbio de Dados de Influenza Aviária (GISAID)

A plataforma GISAID foi lançada em 2008 como uma alternativa ao modelo de compartilhamento de domínio público para melhorar o compartilhamento de dados sobre influenza. Desde o seu lançamento, o GISAID tem desempenhado um papel essencial no intercâmbio de dados entre os Centros Nacionais de Influenza e os Centros Colaboradores da OMS para as recomendações de vacinas contra o vírus influenza pelo Sistema Global de Vigilância e Resposta à Influenza (GISRS) da OMS⁷.

A publicação de sequências no GISAID requer o uso da nomenclatura recomendada pela OMS. Para isso, existem duas convenções de nomenclatura para o campo obrigatório, nome do vírus influenza, uma para hospedeiros humanos e outra para todos os outros hosts.

O formato para humanos é:

[tipo de influenza]/[região]/[número de referência interno]/[ano de coleta]

A/Wisconsin/2145/2001

e para todos os outros anfiriões:

[Tipo de influenza]/[hospedeiro]/[região]/[número de referência interno]/[ano de coleta].

A/chicken/Rostov/864/2007

Orientações para as autoridades nacionais

A OPAS/OMS reitera aos Estados Membros a necessidade de manter uma nomenclatura padronizada dos vírus influenza ao carregar sequências genômicas do vírus influenza para o GISAID ou outro banco de dados existente, a fim de evitar a rejeição de sequências nas plataformas e manter informações as críticas e informativas associadas à nominação do vírus influenza.

⁷ GISAID. Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data (GISAID). 2022. Disponível em: <https://gisaid.org/>.