Portugal encontra-se atualmente sob o impacto de uma nova epidemia de gripe, segundo alerta emitido pela SIC Notícias em dezembro de 2025. A notícia destaca que há “quatro tipos de vírus em circulação” e que “num deles foi detetada uma mutação”, uma informação que, embora técnica, tem implicações relevantes para a saúde pública. Esta situação levanta dúvidas sobre a eficácia da vacina da gripe, a gravidade clínica dos casos que possam surgir e a capacidade de resposta do sistema de saúde à evolução deste vírus respiratório.

A gripe é causada por vírus da família *Orthomyxoviridae* e está dividida em quatro tipos principais: A, B, C e D. No entanto, nem todos os tipos afetam os humanos com a mesma frequência ou gravidade. O tipo A é o mais relevante do ponto de vista epidemiológico, pois infeta humanos, aves e mamíferos e apresenta uma elevada capacidade de mutação. Subdivide-se em subtipos definidos pelas proteínas de superfície hemaglutinina (HA) e neuraminidase (NA), formando combinações como H1N1 ou H3N2, que são as mais comuns entre os seres humanos (Centers for Disease Control and Prevention [CDC], 2023). Estas estirpes variam sazonalmente e podem, em determinados anos, estar associadas a surtos particularmente graves, como ocorreu com o H1N1 em 2009.

O tipo B afeta exclusivamente humanos e circula igualmente de forma sazonal. Embora tenha menor potencial de mutação do que o tipo A, também pode causar epidemias significativas. Divide-se em duas linhagens principais: B/Victoria e B/Yamagata, que podem circular simultaneamente ou em alternância ao longo dos anos (World Health Organization [WHO], 2023). Já o tipo C provoca infeções ligeiras e raramente é associado a surtos. O tipo D, por outro lado, é identificado sobretudo em bovinos e não está documentado como agente causador de doença em humanos (CDC, 2023).

Quando a notícia refere que “quatro vírus estão em circulação”, é provável que se esteja a referir à presença simultânea de subtipos de A (como H1N1 e H3N2) e linhagens de B (Victoria e Yamagata), embora a referência aos tipos C e D seja possível numa perspetiva taxonómica. Esta diversidade de vírus ativos, especialmente nos meses de inverno, é comum e pode aumentar a intensidade da epidemia, dificultando a previsão clínica e a resposta imunológica da população.

Uma das características mais notórias do vírus influenza é a sua capacidade de mutação. Este comportamento é explicado pela estrutura segmentada do seu genoma e pela elevada taxa de erro da sua RNA polimerase, que introduz mutações durante a replicação viral.

Existem dois mecanismos principais que explicam a variabilidade do vírus: a deriva antigénica (*antigenic drift*) e a substituição antigénica (*antigenic shift*). A deriva antigénica consiste na acumulação progressiva de pequenas mutações nos genes que codificam as proteínas de superfície do vírus, especialmente a HA e a NA. Estas mutações permitem que o vírus escape parcialmente à imunidade adquirida por infeções anteriores ou pela vacinação, sendo este um dos principais motivos pelos quais a vacina da gripe precisa de ser atualizada todos os anos (Bouvier & Palese, 2008). Já a substituição antigénica é um evento mais raro, mas com maior impacto potencial, que ocorre quando dois vírus distintos infetam a mesma célula e trocam segmentos genéticos. Este fenómeno pode originar um novo subtipo viral, contra o qual a população humana não tem qualquer imunidade, podendo assim gerar pandemias.

Quando a SIC Notícias indica que foi detetada uma mutação, é plausível que se trate de uma mutação por deriva antigénica. Embora comum, nem todas as mutações têm impacto clínico relevante. No entanto, mutações em regiões críticas da proteína HA podem alterar significativamente o reconhecimento do vírus pelo sistema imunitário, reduzindo a eficácia da resposta imunológica e da vacina (Bouvier & Palese, 2008). Por esse motivo, é essencial monitorizar constantemente a composição genética dos vírus em circulação, como fazem instituições nacionais e internacionais.

Em Portugal, essa monitorização é realizada pelo Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge (INSA), que coordena uma rede de vigilância epidemiológica em colaboração com médicos sentinela e laboratórios hospitalares. As amostras recolhidas em vários pontos do país são analisadas para identificar os tipos e subtipos de vírus presentes, bem como possíveis mutações. Estes dados são partilhados com a Organização Mundial da Saúde e integram a rede global de vigilância da gripe. Esta vigilância genómica permite ajustar a formulação das vacinas para a época seguinte e antecipar eventuais mudanças na dinâmica epidemiológica (Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge [INSA], 2025).

A vacina da gripe é reformulada anualmente com base nas estirpes em circulação no hemisfério oposto (isto é, o hemisfério norte segue os dados do inverno austral). A vacina quadrivalente normalmente inclui duas estirpes do vírus A (H1N1 e H3N2) e duas linhagens do vírus B (Victoria e Yamagata). A escolha destas estirpes baseia-se nas recomendações da OMS, com base em dados de mais de 140 centros de referência em todo o mundo (WHO, 2023). A eficácia da vacina depende da correspondência entre os vírus incluídos na fórmula

vacinal e os que realmente circulam. Quando essa correspondência é alta, a proteção contra infeção pode ultrapassar os 60%; quando é baixa, a eficácia desce para níveis entre 20% e 40%. No entanto, mesmo com correspondência parcial, a vacina continua a ser eficaz na redução das formas graves da doença, internamentos e mortalidade (CDC, 2023).

A vacinação continua a ser a principal estratégia de prevenção da gripe e é fortemente recomendada para os grupos de risco, como idosos, doentes crónicos, grávidas, crianças pequenas e profissionais de saúde. Além da vacinação, medidas como a etiqueta respiratória, a higienização frequente das mãos, a ventilação dos espaços fechados e o isolamento de pessoas infetadas são fundamentais para reduzir a propagação da doença.

Importa também considerar o papel da comunicação na perceção pública do risco. Expressões como “mutação” ou “quatro vírus a circular” podem ser mal interpretadas pelo público em geral se não forem devidamente explicadas. A mutação de um vírus influenza não é, por si só, um evento alarmante — é um fenómeno previsto e monitorizado pelas autoridades de saúde. Contudo, pode tornar-se preocupante se tiver impacto na eficácia da vacina ou na gravidade dos casos. Por isso, a comunicação em saúde pública deve assentar em princípios de clareza, responsabilidade e contextualização, evitando tanto o alarmismo como a banalização dos riscos (INSA, 2025).

A epidemia de gripe em curso em Portugal não foge ao padrão habitual das épocas gripais, mas a identificação de uma mutação num dos vírus em circulação deve ser levada a sério. Este dado reforça a necessidade de manter e reforçar a vigilância epidemiológica, promover a vacinação, e continuar a investir em estratégias de comunicação eficazes. A gripe é uma doença prevenível, mas com um impacto significativo na saúde pública se não for controlada. A sua natureza mutável obriga-nos a uma atenção constante e a uma resposta coordenada entre ciência, saúde pública e sociedade civil.

Referências Bibliográficas

Bouvier, N. M., & Palese, P. (2008). The biology of influenza viruses. *Vaccine, 26*(Suppl 4), D49–D53. https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2008.07.039

Centers for Disease Control and Prevention. (2023). *Types of influenza viruses*. U.S. Department of Health & Human Services. https://www.cdc.gov/flu/about/viruses/types.htm

Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge. (2025). *Vigilância da gripe em Portugal*. https://www.insa.min-saude.pt

World Health Organization. (2023). *Influenza (seasonal): Fact sheet*. https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal)