

## Artigo de Opinião \*

### Vírus, variantes e evolução

Há dois anos, eu e a minha colega Teresa Nogueira escrevemos um pequeno livro<sup>1</sup> sobre a gripe dirigido a professores do básico e secundário. A ideia não caiu do céu — tínhamos por vezes participado em atividades em escolas e reparámos que a biologia das doenças “comuns” levantava muitas perguntas. Nesse trabalho abordámos a biologia do vírus da gripe numa perspetiva evolutiva, que nos permite compreender a circulação de novas variantes todos os anos e como a aplicação deste conhecimento leva ao desenvolvimento das vacinas anuais.

De há um ano para cá assistimos ao avanço da COVID-19 pelo mundo e agora surgem notícias do aparecimento de novas variantes - do Reino Unido, de África do Sul, do Brasil. Estamos, pois, a assistir à evolução do vírus. O SARS-CoV-2 e o vírus da gripe são vírus diferentes, mas colocam alguns desafios idênticos ao sistema imunitário e à medicina. E, tal como no caso do vírus da gripe, é importante olharmos para a propagação da doença e para as novas variantes “à luz da evolução”.

Todas as espécies evoluem. Só que não evoluem todas ao mesmo ritmo. Para que haja evolução é necessário haver diversidade genética e esta surge por mutações no material genético. Enquanto que DNA é copiado e passado de geração em geração com elevada fidelidade, o RNA — que é o material genético de alguns vírus como o SARS-CoV-2, o vírus da gripe e o HIV—, é copiado menos fielmente, o que leva à sua maior taxa de mutação. Além disso, como os vírus se multiplicam rapidamente, têm um “tempo de geração” curto, as mudanças são observadas mais depressa.

Mas não basta mutar — o destino das mutações depende das consequências que estas têm no vírus e da sua propagação na população. As mutações podem surgir em qualquer local do genoma. Podem não ter consequências e ser “silenciosas”; ou ser “deletérias” para o vírus (o mais frequente); ou ocasionalmente ser “vantajosas”. Depois, a seleção natural (combinada com outros fenómenos como migrações, ou até acasos) leva a que as mutações desapareçam, permaneçam em circulação, ou se tornem mais frequentes.

Assim, mutações que facilitam a propagação do vírus podem levar ao aumento da frequência de uma variante — como estamos a ver acontecer. A variante chamada B.1.1.7 e de que tanto ouvimos falar,

---

<sup>1</sup> Vírus da gripe - desafios do sistema imunitário e da medicina à luz da evolução”. Prémio de Mérito 2020, atribuído pela Casa das Ciências. Disponível gratuitamente no [portal Casa das Ciências](#).

foi identificada no Reino Unido no início do outono de 2020 e rapidamente aumentou de frequência. Quando o alerta foi lançado em dezembro era já indicado um maior potencial de transmissão desta estirpe. Os dados do Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge identificam-na em Portugal em dezembro e desde então tem-se verificado um aumento da sua frequência.

Embora seja comum surgirem mutações nos vírus, esta variante B.1.1.7 tem 26 mutações próprias. Ainda que seis sejam silenciosas, oito estão associadas a alterações nas espículas — estruturas responsáveis pela entrada do vírus nas células. As variantes que surgiram na África do Sul e no Brasil também acumulam várias mutações e também se tornaram rapidamente mais abundantes. Não é ainda certo como se acumularam várias mutações em determinadas linhagens, se foi só uma série de infortúnios do acaso, ou se também houve condições que promovem a evolução (suspeita-se que infecções em doentes imunocomprometidos, como demoram mais tempo a combater a infeção, podem permitir a acumulação de mutações).

Uma variante ser mais transmissível, ou mais frequente, por si só não significa que seja mais perigosa, mas causar mais infecções tem consequências. Ainda não é certo o desafio que novas variantes colocam, mas entretanto os investigadores estão atentos aos seus efeitos e também à proteção que as vacinas desenvolvidas conferem. Uma coisa é certa: se o vírus não se propagar, não evolui. Vacinas, testes, rastreios de contacto e isolamento, são medidas que ao evitarem a propagação do vírus necessariamente também impedem que surjam e se propaguem novas mutações. Essas medidas são eficazes: na primavera uma variante importada de Itália tornou-se rapidamente prevalente na região Norte e Centro, mas o controle de propagação da doença evitou a disseminação para outras regiões. Estamos a correr contra um vírus em evolução. O vírus evolui rapidamente. Vamos ter que correr mais rápido do que ele.

**\*Rita Ponce**

**Bióloga. Docente do Departamento de Ciências Biomédicas, Escola Superior de Saúde do Instituto Politécnico de Setúbal (ESS/IPS). Colaboradora do centro de investigação cE3c-FCUL**

*In Jornal Médico (janeiro/2021)*