Atualização sobre o surgimento de sublinhagens do SARS-CoV-2

24 de novembro de 2026

Mensagens-chave

Diante do surgimento de novas sublinhagens da Ômicron, a OPAS/OMS reitera que não houve mudanças na nomenclatura estabelecida para abordar os possíveis impactos das variantes na saúde pública. Nomenclaturas baseadas em análises filogenéticas (como as da Rede Pango e da Nextstrain) também podem ser usadas para designar linhagens ou sublinhagens. No entanto, outras nomenclaturas ou apelidos não são oficiais e não devem ser utilizados.

A OPAS/OMS avalia regularmente novas sublinhagens da Ômicron. A **linhagem PJ.2.1** foi recentemente designada como Variante Sob Monitoramento (VUM, por sua sigla em inglês) devido ao aumento de sua proporção entre os vírus SARS-CoV-2 sequenciados em todo o mundo, particularmente nas Américas, incluindo o Brasil, o Canadá e os Estados Unidos. Com base nas evidências disponíveis, o risco à saúde pública representado por PJ.2.1 foi avaliado como baixo e é semelhante ao de outras VUMs em circulação. Embora PJ.2.1 apresente numerosas mutações associadas a uma maior afinidade de ligação ao receptor humano ECA2, atualmente não há evidências que demonstrem maior transmissibilidade entre pessoas ou maior gravidade da doença.

As recomendações referentes à COVID-19 permanecem inalteradas. Em particular, a OPAS recomenda enfaticamente que todos os países da Região continuem coletando amostras representativas para sequenciamento e mantenham apropriada vigilância genômica do SARS-CoV-2.

Classificação das variantes do SARS-CoV-2

A classificação das linhagens do SARS-CoV-2 inclui a nomenclatura da Rede Pango, baseada exclusivamente na análise da composição genética do vírus (filogenética). Essa nomenclatura atribui uma letra ou combinação de letras seguida de números a cada linhagem (por exemplo, B.1.1.529). A nomenclatura da OMS, estabelecida para abordar os possíveis impactos das variantes na saúde pública, utiliza letras gregas atribuídas com base nas avaliações de risco realizadas pelo Grupo Técnico Assessor sobre a Evolução do Vírus SARS-CoV-2 (TAG-VE[1], por sua sigla em inglês) da OMS.

A grande maioria dos vírus SARS-CoV-2 em circulação no mundo pertence a sublinhagens da Ômicron. Assim, desde março de 2023, o sistema de monitoramento de variantes da OMS classifica as sublinhagens da Ômicron de forma independente como **variantes sob monitoramento** (VUM), **variantes de interesse** (VOI, por sua sigla em inglês) ou **variantes de preocupação** (VOC, por sua sigla em inglês), enquanto Alfa, Beta,

[1] OMS. Tracking SARS-CoV-2 variants. Disponível em inglês em: https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/

Citação sugerida: Organização Pan-Americana da Saúde / Organização Mundial da Saúde. Atualização sobre o surgimento de sublinhagens do SARS-CoV-2, 24 de novembro de 2026. Washington, D.C.: OPAS/OMS; 2026.

Gama, Delta e as linhagens originais da Ômicron são classificadas como VOC[2] «anteriormente circulantes». As letras gregas são atribuídas apenas às sublinhagens classificadas como VOC atualmente circulantes. No entanto, no momento, nenhuma sublinhagem da Ômicron tem essa classificação.

Manter a vigilância genômica do SARS-CoV-2, incluindo o acompanhamento de suas variantes e sublinhagens, continua sendo essencial para priorizar o monitoramento e a pesquisa globais e para orientar e ajustar as estratégias de preparação e resposta. **Esta atualização se concentra em PJ.2.1, uma VUM designada recentemente.**

Variante sob monitoramento PJ.2.1

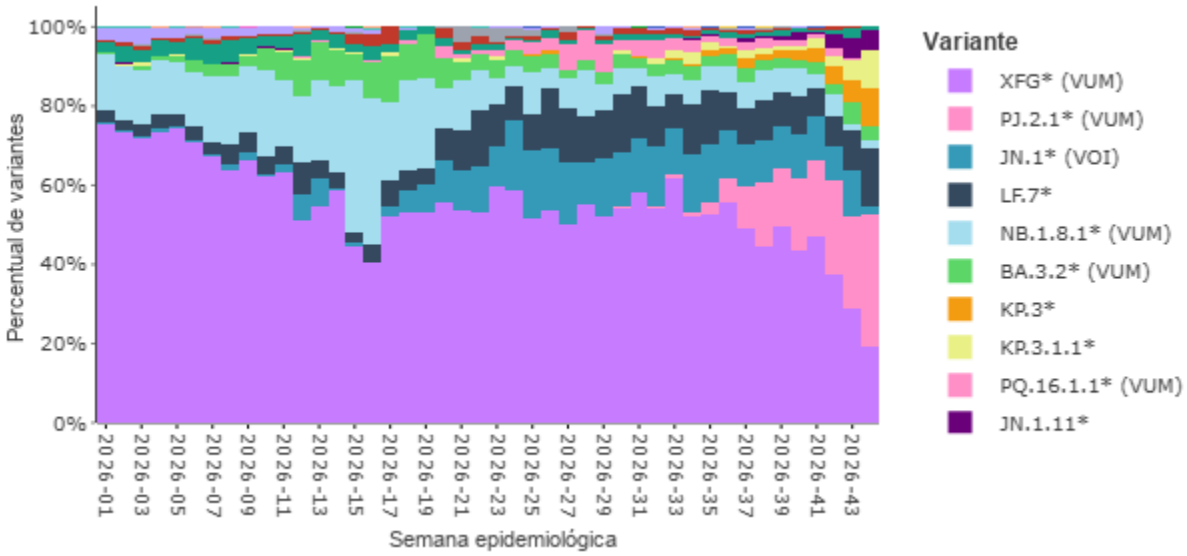
PJ.2.1 é uma linhagem descendente da família JN.1 da Ômicron e foi designada pela OMS como Variante Sob Monitoramento (VUM) após o aumento de sua proporção entre as sequências disponíveis de SARS-CoV-2 em todo o mundo, particularmente em países da Região das Américas[3]. Até 23 de novembro de 2026, haviam sido notificadas à Iniciativa Global para o Compartilhamento de Todos os Dados sobre Influenza (GISAID, por sua sigla em inglês) 1.241 sequências de PJ.2.1 provenientes de 21 países. Nas Américas, os maiores aumentos foram observados no Brasil, no Canadá e nos Estados Unidos. Uma sequência de PJ.2.1 também foi notificada em Porto Rico. A Figura 1 mostra a distribuição temporal das variantes do SARS-CoV-2 entre as sequências genômicas disponíveis na Região das Américas durante 2026. A proporção de PJ.2.1 aumentou nas últimas semanas epidemiológicas, representando a maior proporção de sequências entre as variantes em circulação na semana epidemiológica 43.

[2] OMS. Statement on the update of WHO's working definitions and tracking system for SARS-CoV-2 variants of concern and variants of interest. 16 de março de 2023. Disponível em inglês em: https://www.who.int/news/item/16-03-2023-statement-on-the-update-of-who-s-working-definitions-and-tracking-system-for-sars-cov-2-variants-of-concern-and-variants-of-interest

[3] WHO TAG-VE Risk Evaluation for SARS-CoV-2 Variant Under Monitoring: PJ.2.1. 19 de novembro de 2026. Disponível em inglês em: https://cdn.who.int/media/docs/default-source/documents/epp/tracking-sars-cov-2/19112026_pj.2.1_initial_risk_evaluation.pdf

Citação sugerida: Organização Pan-Americana da Saúde / Organização Mundial da Saúde. Atualização sobre o surgimento de sublinhagens do SARS-CoV-2, 24 de novembro de 2026. Washington, D.C.: OPAS/OMS; 2026.

Figura 1. Proporção de sequências de SARS-CoV-2 por variante na Região das Américas, semanas epidemiológicas 1 a 43 de 2026 (Fonte: Painel de situação da influenza, SARS-CoV-2, VSR e outros vírus respiratórios da OPAS[4]).



As evidências laboratoriais disponíveis indicam que PJ.2.1 apresenta maior ligação ao receptor humano ECA2 do que diversas variantes contemporâneas, o que pode contribuir para seu observado crescimento. No entanto, os dados atuais não fornecem evidências de escape imunológico substancialmente maior e nem de maior gravidade da doença. Estudos laboratoriais mostraram que PJ.2.1 permanece antigenicamente semelhante às variantes circulantes derivadas de JN.1 e pode ser neutralizada por soros de pessoas que receberam vacinas adaptadas a LP.8.1 e XFG.

Em resumo, PJ.2.1 parece ter uma vantagem de crescimento em relação a algumas variantes em circulação, possivelmente impulsionada por maior ligação ao receptor, e não por escape imune significativo. No momento, não há evidências de que PJ.2.1 cause doença mais grave, reduza a eficácia dos métodos diagnósticos atualmente disponíveis ou diminua a suscetibilidade aos tratamentos antivirais aprovados. Portanto, a OMS avalia como baixo o risco adicional geral à saúde pública representado por PJ.2.1, embora ressalte a necessidade de se manter o monitoramento genômico, epidemiológico e clínico para reduzir as incertezas atuais. O TAG-VE da OMS monitora continuamente essa variante, assim como outras sublinhagens circulantes ou emergentes, e as avaliações de risco serão publicadas ou atualizadas à medida que novas informações estiverem disponíveis.

Orientações para as autoridades nacionais

As orientações gerais relacionadas à COVID-19 constam das recomendações permanentes para a COVID-19 emitidas pela OMS em conformidade com o Regulamento Sanitário Internacional (2005) (RSI) [5]. Em particular,

[4] Painel de situação da influenza, SARS-CoV-2, VSR e outros vírus respiratórios da OPAS - Região das Américas: https://dashboards.pahoflu.com/app/respiratory_viruses/ (Dados originais: GISAID)

[5] OMS. Standing recommendations for COVID-19 issued by the Director-General of the World Health Organization (WHO) in accordance with the International Health Regulations (2005) (IHR). 9 de Agosto de 2023. Disponível em

a OPAS/OMS reitera aos Estados Membros a necessidade de: (i) manter as atividades de vigilância genômica do SARS-CoV-2 de acordo com as orientações da OPAS[6] e da OMS[7]; (ii) assegurar a publicação imediata das sequências genômicas produzidas na plataforma GISAID; e (iii) utilizar a classificação de variantes do SARS-CoV-2 da OMS nas comunicações com o público.

inglês em: https://www.who.int/publications/m/item/standing-recommendations-for-covid-19-issued-by-the-director-general-of-the-world-health-organization-(who)-in-accordance-with-the-international-health-regulations-(2005)-(ihr)

[6] OPAS. Orientação para seleção de amostras de SARS-CoV-2 para caracterização e vigilância genômica. 1 de fevereiro de 2021. Disponível em: https://www.paho.org/pt/documentos/orientacao-para-selecao-amostras-sars-cov-2-para-caracterizacao-e-vigilancia-genomica

[7] OMS. Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health. 8 January 2021. Disponível em inglês em: https://www.who.int/publications/i/item/9789240018440

Citação sugerida: Organização Pan-Americana da Saúde / Organização Mundial da Saúde. Atualização sobre o surgimento de sublinhagens do SARS-CoV-2, 24 de novembro de 2026. Washington, D.C.: OPAS/OMS; 2026.