

# **SARS COV-2: UM ESTUDO SOBRE AS NOVAS LINHAGENS DO CORONAVIRUS**

VISICATI, A.B.F<sup>1</sup>, MIKALOUSKI, U<sup>2</sup>

## **RESUMO**

O coronavírus já não é o mesmo desde 2019. Com sua alta taxa de transmissão, é notório que mutações acontecem com esse vírus. Essas mutações, ou variantes tem preocupado a OMS, principalmente por conta do dos níveis ainda mais altos de transmissão. Quatro variantes, de 43000 ao redor do mundo, vem sendo caracterizadas como variantes de preocupação (VOC). Diferenciar essas variantes é importante para que possa se esclarecer as diferenças e semelhanças entre elas.

**PALAVRAS- CHAVES:** SARS-COV-2, mutações, variante, transmissão.

## **ABSTRACT**

The coronavirus has not been the same since 2019. With its high transmission rate, it is notorious that mutations happen with this virus. These mutations, or variants, have been of concern to the WHO, mainly because of the even higher levels of transmission. Four variants, out of 43,000 around the world, have been characterized as worry variants (VOC). Differentiating these variants is important to clarify the differences and similarities between them.

**KEY WORDS:** SARS-COV-2, varienties, mutations, streaming.

## **INTRADUÇÃO**

Coronavírus ou como chamado popularmente covid-19, é um vírus zoonótico, que tem e teve a capacidade de cruzar espécies e hospedeiros, começando a infectar seres humanos. Teve seu primeiro contato com os mesmo em um mercado de frutos do mar e animais vivos muito comum na cidade de Wuhan, em uma pequena província chinesa no final do ano de 2019 (SÁFADI, 2020).

Existem diversos tipos de coronavírus, que em sua maioria são responsáveis por acometerem os animais. Todavia sete são os tipos específicos de corona que causam doenças aos seres humanos. Podendo apresentar de um resfriado comum até uma pneumonia fatal. Três desses setes tipos tem causado grandes surtos de pneumonia mortal nos últimos 20 anos. Sendo eles: SARS-COV (2002), causadora

<sup>1</sup>Discente do curso de Biomedicina da Faculdade de Apucarana – FAP.

<sup>2</sup> Docente do curso de Biomedicina da Faculdade de Apucarana – FAP.

da síndrome respiratória aguda grave (SARS); MERS-COV (2012), causando a síndrome respiratória do Oriente Médio (MERS); e por fim SARS-COV-2 (2019), responsável pelo coronavírus (COVID-19), (TESINI, 2020).

Provenientes do *Betacoronavirus*, (HCoV-HKU1), o coronavírus é um vírus que tem como parte de sua estrutura, o capsídeo viral, o envelope viral e o seu genoma que é composto por RNA de fita simples (TORTORA, 2017; FRANÇA, 2018). Para que uma partícula viral esteja completa, é necessário que tenha quatro importantes proteínas em seu envelope viral, sendo elas: Spike (S), a de membrana (M), a do envelope (E), e a do nucleocapsídeo (N) (Ministério da Saúde, 2020; DHAMA et al, 2020).

Korsman (2014), diz em um dos seus trabalhos que todo e qualquer organismo é mutável, e os vírus não são tirados dessas extensas listas de seres. A mutação que ocorre nos vírus é resultado das falhas e erros na replicação acelerada dos seres não vivos. Essas mutações dão a estrutura do vírus muitas das vezes formas mais evoluídas e com mais patogenicidade. O resultado dessas mutações sobre o coronavírus são as diversas linhagens/ variantes que possuímos do mesmo vírus. Sendo elas: B.1.1.7, (Reino Unido) B.1.351 (África do Sul) P1 e P2 (Amazonas- Brasil), e B 1.617 (Índia- Delta) (FREITAS et al. 2021).

## **OBJETIVOS**

O presente trabalho tem como objetivo, compreender as diferenças entre as emergentes linhagens do novo coronavírus.

## **METODO**

Constituindo uma pesquisa com finalidade de comparação entre as informações obtidas sobre referente tema. Obtendo essas mesmas informações através de uma pesquisa descritiva. Utilizando a revisão bibliográfica e a comparação dos seguintes materiais.

Através de uma busca por informações que sejam tanto quantitativas, como qualitativa. Recorrendo a matérias como: artigos científicos, livros didáticos, boletins informativos de instituições. Datados dos últimos seis meses do ano de 2020 e até a outubro de 2021. Sendo sua maioria encontrados em inglês. Usando os seguintes termos como pesquisa: Coronavírus, B 1.1.7, B 1.351, P.1 e B 1. 617.

Utilizando como linha de exclusão a leitura dos resumos dos artigos, eliminando aqueles que fogem do tema proposto.

## RESULTADO

Ao longo dos últimos 22 meses temos percebido que as mutações no vírus da SARS-COV-2 (covid-19), tem acontecido desenfreadamente. Ou et al (2020), cita que com a alta taxa de infecção o vírus tem a oportunidade de adquirir mutações que acabam por ajudar a propagação do vírus.

Segundo informações obtidas pela Fio Cruz, em maio deste ano, somente no Brasil temos um total de 92 novas cepas (variantes) do coronavírus. No mundo já ultrapassa o número de 43000. Dados obtidos no final de setembro.

A variante Alpha anteriormente chamada de B.1.1.7, foi identificada em setembro de 2020 no Reino Unido. A mesma já foi sequênciada em 70 países, 29 dessas sendo por transmissão local (RAMBAUT, 2020).

Diferentes são os números de mutações que cada autor descreve e também com o aumentar do tempo por exemplo: para Wilceki (2021) em fevereiro havia 14 mutações. Já para Pinheiros (2021), em junho havia 22 mutações.

Ambos os autores citados por essa variante, confirmam que a mais falada das mutações desta linhagem é a N501Y, mutação que ocorre na proteína Spike. Dando ao vírus uma maior facilidade de entrada na célula de seu hospedeiro. (RAMBAUT, 2020; PINHEIROS, 2021; WILCEKI, 2021).

A linhagem alpha foi a responsável por pelo caos no final do ano de 2020 e início do ano de 2021 em toda a Europa (PINHEIROS, 2021; WILCEKI, 2021).

A linha Beta que antigamente recebia o nome de B.1.351, foi identificada em dezembro de 2020 na África do Sul. Participou juntamente com a linha Alpha da segunda onda de covid que assustou todo o mundo. (WILCEKI, 2021)

Essa mutação tem em comum com a Alpha, não somete sua participação na segunda onda, mas também grande parte de suas mutações. Principalmente com a mutação N501Y. A mesma conta com outras duas mutações em sua espícula. E484K e K417N. Tendo com função respectivamente: fugir dos anticorpos produzidos e auxiliar no processo de entrada na célula hospedeira (; SLAVOV et al, 2021).

A preocupação com essa linhagem, que ainda vem sendo estudada é a fuga da ação dos anticorpos, podendo prejudicar a ação das vacinas (KUPFERSCHMIDT, 2021).

A famosa linhagem Gamma, denominada como P.1, foi descoberta em janeiro de 2021, em japoneses que voltavam de Manaus na Amazonia. O Japão ficou

encarregado de notificar a OMS, sobre a nova linhagem que fecharia o trio das VOC (Variantes de preocupação) (KUPFERSCHMIDT, 2021).

A mesma contém mais de 12 mutações na proteína do vírus (Spike), porém suas mutações são muito parecidas ou as mesmas que as linhagens já citadas acima. Principalmente com a linhagem Beta (N501Y, E484K e K417N). Apesar de todas essas semelhanças a cepa Gamma, não tem nenhuma afinidade com as linhagens já citadas (DEJNIRAHISAI, 2021; BUSS, 2021).

O que preocupou era a semelhança da mesma com a linhagem Alpha, já que sua alta taxa de transmissão ocasionou o caos nos períodos de março e abril no país (PINHEIRO, 2021).

Identificada na Índia, no final de 2020 a mesma foi definida pela OMS em maio como também variante de preocupação, por ter uma taxa de transmissão potencialmente maior que as outras variantes (DOUGHERTY, 2021).

Recebendo o nome de “duplo mutante” por conter duas mutações importantes na proteína RBD (E484Q, L452R). Essas duas mutações estão relacionadas com a fuga dos anticorpos e também a resposta imune (BOEHM, 2021).

Ainda não saiu do medo de variante de preocupação, por ser a variante mais transmissível até o momento, cerca de 40-60% a mais que qualquer variante presente (PINHEIRO, 2021).

## **CONCLUSÃO**

Conclui-se que somente nos resultados esperados já se consegue ter noção de que a maioria das alterações ou mutações estão relacionadas a dois principais pontos. A facilidade da entrada das novas cepas do vírus em sua célula hospedeira, e também o escape das cepas aos anticorpos que o organismo humano começara a produzir.

Fazendo com que a cada mutação as novas cepas acabem se tornando mais transmissíveis e ainda mais difíceis de se combater.

## **REFERENCIAS**

BOEHM, Erik et al. **New variants of SARS-COV-2: pandemics within the pandemic.** Clinical Microbiology and Infection. V, 27, 2021.

BUSS, Lewis, F et al. **Three-quarters attack rate of SARS-CoV-2 in the Brazilian Amazon during a largely unmitigated epidemic.** Science. V.371, 2021.

DEJNIRATTISAI, Wanwisa et al. **Antibody evasion by the P. 1 strain of SARS-CoV-2.** Cell, v. 184, n. 11, p. 2939-2954. e9, 2021.

DOUGHERTY, Kendra et al. SARS-CoV-2 B. 1.617. 2 (Delta) variante do surto de COVID-19 associado a uma academia de ginástica - Oklahoma, abril-maio de 2021. **Morbidity and Mortality Weekly Report** , v. 70, n. 28, pág. 1004, 2021.

FREITAS, ANDRÉ RICARDO RIBAS; GIOVANETTI, MARTA; ALCANTARA, LUIZ CARLOS JUNIOR. **Variantes emergentes do SARS-CoV-2 e suas implicações na saúde coletiva**. InterAmerican Journal of Medicine and Health, v. 4, 2021.

KORSMAN, Stephen N. J. *et al.* **Virologia**. Rio de Janeiro: Elsevier Editora Ltda., 2014.

KUPFERSCHMIDT, Kai. **New coronavirus variants could cause more reinfections, require updated vaccines**. Science, 2021.

PINHEIRO, Cloé. **Variantes do coronavírus: quem são e como se comportam**. Disponível em: < <https://saude.abril.com.br/medicina/variantes-do-coronavirus-quem-sao-e-como-se-comportam/>> Acesso em: 1º out 2021.

RAMBAUT, Andrew et al. **Preliminary genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in the UK defined by a novel set of spike mutations**. Disponível em : < <https://virological.org/t/preliminary-genomic-characterisation-of-an-emergent-sars-cov-2-lineage-in-the-uk-defined-by-a-novel-set-of-spike-mutations/563>> Acesso em: 1º out 2021.

SLAVOV, Svetoslav, N et al. **Genomic monitoring reveals Early detection SARS-COV-2 variant B 1.351 ( beta) ( 20H/ 501Y,V2) in Brazil**. Journal o Medical Virology, 2021. DOI: 10.1002 / jmv.27190

SÁFADI, Marco Aurelio Palazzi. **Novo coronavírus (COVID-19)**. Departamento Científico de Infectologia. Sociedade Brasileira de pediatria. n°14 de fevereiro de 2020. Disponível:< [https://www.sbp.com.br/fileadmin/user\\_upload/22340d-DocCientifico\\_-\\_Novo\\_coronavirus.pdf](https://www.sbp.com.br/fileadmin/user_upload/22340d-DocCientifico_-_Novo_coronavirus.pdf)> Acesso em: 18 de set.2021.

TESINI, Brenda L. **Coronaviruses and Acute Respiratory Syndromes (COVID-19, MERS, and SARS)2020**. 4 f. Monografia, University of Rochester School of Medicine and Dentistry. Kenilworth, NJ, EUA.

TORTORA, Gérard J.; FUNKE, Berdell R.; CASE, Christine L. **Microbiologia**. 12. ed. São Paulo: Artmed, 2017.

WILCEKI, Amanda. **Variantes da COVID-19 no Brasil e no mundo: o que sabemos dessas mutações?** .Disponível em: < <https://www.sanarmed.com/variantes-da-covid-19-no-brasil-e-no-mundo-o-que-sabemos-dessas-mutacoes-colunistas>> Acesso em: 1º out 2021.