

CORONAVÍRUS, UM PROLEGÔMENO

Bianca Gomes Campos¹, João Pedro Matos Santos²

¹ Cursando o 2º ano do ensino técnico em Controle Ambiental /CEFET-MG/ Unidade Contagem, biancamposgm@gmail.com

² Cursando o 2º ano do ensino técnico em Controle Ambiental /CEFET-MG/ Unidade Contagem, j.pmsantos@hotmail.com

Resumo: O presente artigo, de cunho informativo, apresenta as recentes pesquisas feitas sobre o recém descoberto patógeno COVID-19, que se tornou o protagonista da atual pandemia, sua família taxonômica e a influência das medidas necessárias tomadas para tentar retardar a transmissão e o avanço da doença no Brasil.

Palavras Chave: Doença, COVID-19, SARS-CoV-2, Coronaviridae, Vírus, Isolamento social.

1. Morfologia e Fisiopatologia

A compreensão da estrutura e comportamento de um vírus no hospedeiro é fundamental para a análise e a pesquisa acerca de formas de contenção e possíveis medidas de preservação da saúde mundial.

O Covid-19 (*Coronavirus disease 2019*) é um vírus esférico envelopado de RNA positivo de fita simples da família *Coronaviridae* (Ordem *Nidovirales*). A composição desse vírus conta com o seu material genético associado a uma proteína, um capsídeo protéico proveniente da matriz e um envelope que projeta estruturas glicoproteicas em forma de “espinhos” chamadas de proteínas *spike*. Comuns em toda a família *coronaviridae*, tais estruturas dão aparência de uma coroa solar (corona em latim), originando o nome Coronavírus.

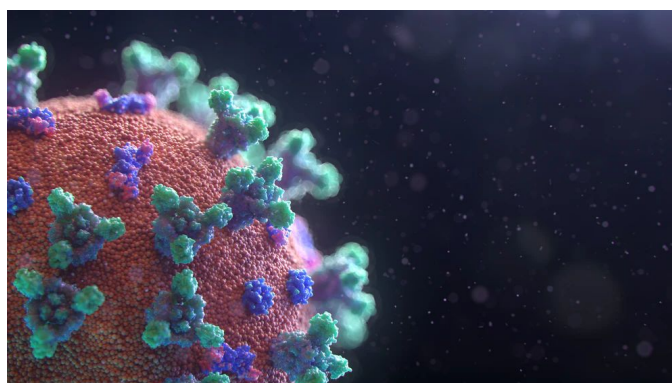


Figura 1 - Modelo 3D do Covid-19 por Fusion Medical Animation

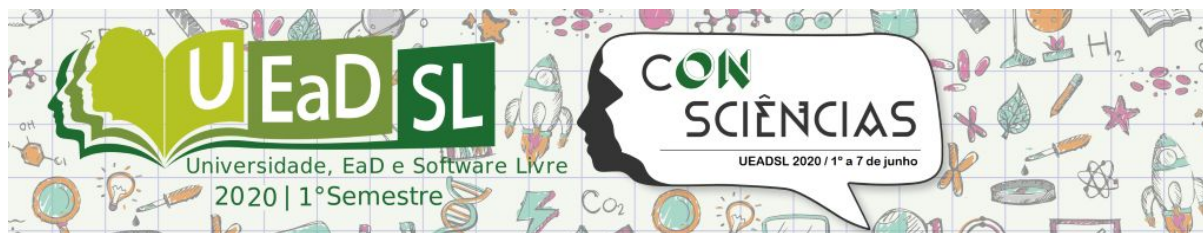
Para se replicar, a partícula vírica realiza a adsorção, um processo no qual o vírus se estabelece na superfície da célula hospedeira utilizando-se, assim, de suas espículas glicoproteicas para ligar-se à membrana plasmática pelos receptores funcionais daquela célula. A invasão ocorre por meio de endocitose: o vírus se funde à membrana plasmática para adentrar no citoplasma e, dentro da célula hospedeira, ele se desnuda liberando o RNA na célula. Após o material genético ser liberado no citoplasma, ele penetra no núcleo onde ocorre o processo de tradução das informações do genoma viral e assim é produzida uma enzima responsável por replicar o RNA. O material genético replicado se associa à proteínas virais para compor novos vírus. (UFRGS, 2020).

Os principais sintomas causados pela infecção são: dificuldade respiratória, febre alta, dor de garganta e tosse seca. De acordo com a sessão de Fisiopatologia Geral do Covid-19 apresentada pela Sociedade Brasileira de Reprodução Assistida redigida por Edilberto Araújo Filho e Lygia Fernanda Previato Araújo (ano de 2020) eles são causados pois o vírus infecta células epiteliais do pulmão e da mucosa pulmonar. A principal causa de morte é a Síndrome do Desconforto Respiratório Agudo (SDRA). Caracterizada por causar dificuldade ao respirar, ela ocorre devido a uma resposta inflamatória violenta do sistema à rápida proliferação do vírus no trato pulmonar, que resulta em insuficiência respiratória, seguida da falta de oxigenação do sangue, o que leva à falência múltipla de órgãos e, assim, ao óbito.

Vírus de RNA podem apresentar maior capacidade de mutação, já que alterações no genoma são prováveis de ocorrerem durante a multiplicação do vírus. Porém, o coronavírus apresenta uma proteína que tem o propósito de “checar” caso ocorra algum erro genético (UFRJ, 2020). Portanto, sua mutabilidade é relativamente baixa quando comparado com, por exemplo, o vírus Influenza.

2. Família *Coronaviridae*

As famílias virais são níveis taxonômicos utilizados para identificar indivíduos que compartilham de características semelhantes e diferenciá-los de outros



exemplares víricos existentes na natureza. Existem os Coronavírus Humanos (HCoVs), como os *alphas* (229E e NL63) e os *betas* (OC43 e HKV1), que são responsáveis por causar resfriados comuns. Porém, os três principais membros da família coronaviridae, que causam complicações mais severas, são SARS-CoV, MERS-CoV e o recente COVID-19, também conhecido como SARS-CoV 2.

A SARS-CoV (Síndrome Respiratória Aguda Grave) é uma doença respiratória viral causada por um coronavírus chamado “Coronavírus associado à SARS (SARS-CoV)”. O SARS foi relatado pela primeira vez na Ásia, em fevereiro de 2003. A doença se espalhou para mais de duas dúzias de países na América do Norte, América do Sul, Europa e Ásia antes da contenção do surto global em 2003. A epidemia causada por esse vírus se alastrou rapidamente, infectou mais de 8.000 pessoas e causou cerca de 800 mortes. Desde 2004, não há casos conhecidos de SARS relatados em nenhum lugar do mundo. A principal maneira pela qual a SARS parece se espalhar é pelo contato pessoal próximo (Centro Nacional de Imunização e Doenças Respiratórias, Divisão de Doenças Virais, 2017).

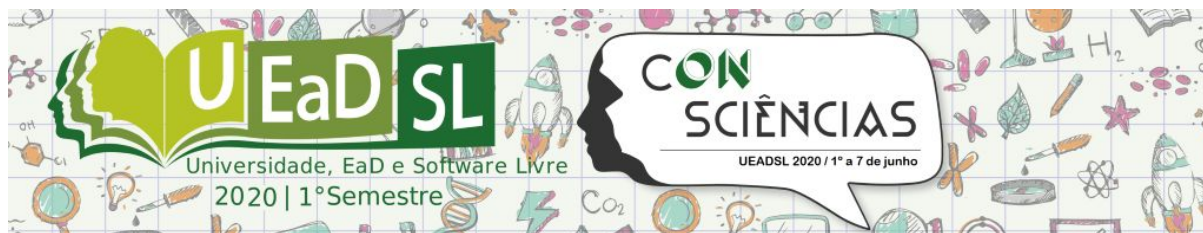
MERS-Cov (Síndrome Respiratória do Oriente Médio) é uma doença provocada por outra variante dos coronavírus. Essa nova cepa foi isolada pela primeira vez em humanos em 2012, em um paciente da Arábia Saudita que, além dos sintomas respiratórios, apresentava uma forma grave de pneumonia e complicações renais.

Posteriormente, novos casos foram diagnosticados não só na Arábia Saudita e em alguns países asiáticos, mas também na Europa, na África e nos Estados Unidos. Em todos eles foi constatado que o paciente estivera em contato próximo recente com pessoas que já chegaram doentes dessa região ou estiveram em um país do Oriente Médio.

Embora o vírus tenha demonstrado capacidade limitada de transmissão entre pessoas fora dos hospitais, causou repetidamente surtos em grande escala em unidades de saúde, com graves impactos à saúde, segurança e economia, principalmente na Arábia Saudita, no período entre 2014 e 2016, e na República da Coreia, em 2015. Nesse último país, o surto envolveu 186 casos e 38 mortes (Euronews, 2015).

No dia 12 de dezembro de 2019, um novo agente do coronavírus foi descoberto e denominado como COVID-19. Essa nova doença, causada pelo SARS-CoV-2, teve seu primeiro caso oficial registrado em um paciente hospitalizado em Wuhan, China.

Após semanas, o primeiro artigo científico, de autoria de Wu, Zhao, Yu *et al.* (2020), intitulado *A new coronavirus associated with human respiratory disease in China*, foi



publicado por pesquisadores chineses na edição 579 da revista Nature e descreveu o caso de um paciente de 41 anos admitido no Hospital Central de Wuhan, em 26 de dezembro, do qual o fluido broncoalveolar continha um vírus cujo genoma mostrou uma relação filogenética com coronavírus causadores do SARS e MERS.

Muitas famílias virais que foram obstáculos na saúde mundial através da história apresentavam origem animal e são chamados de “vírus zoonóticos”. Os surtos deste tipo de vírus tornam-se cada vez mais constantes com o passar do tempo devido à urbanização gradativa e constante, e a *Coronaviridae* não é exceção. Muitas zoonoses virais inicialmente não infectam humanos, porém devido à mutações geradas por meio de erros genéticos durante a replicação de um ácido nucleico (mais comum em RNA vírus) ou interação com outros tipos de partículas víricas, estes se tornam capazes de hospedar-se em células humanas, como foi o caso do vírus Influenza A H1N1, protagonista de outra pandemia.

O vírus SARS-CoV-2 apresentou alta similaridade genômica com o Bat SL-CoVZC45, um vírus obtido de um morcego coletado na China. De acordo com o artigo de Andersen, Rambaut, Lipkin *et al.* (2020), evidências excluem a hipótese de que o SARS-CoV-2 tenha tido origem laboratorial. No caso da SARS, sabe-se que o vírus foi transmitido de morcegos para civetas e desses hospedeiros intermediários para os homens. No caso do novo vírus, a transmissão é indefinida. Além dos vírus similares encontrados em morcegos, o artigo de Lam, Shum, Zhu *et al.* (2020), relatou a presença de coronavírus em pangolins, com similaridade de 85,5-92,4% com o genoma do SARS-CoV-2. Pangolins são vendidos ilegalmente na China pela sua carne, escamas e uso tradicional na medicina chinesa.

De acordo com o artigo de Zhou, Yang, Wang, X. *et al.*, (2020), o genoma do SARS-CoV-2 apresenta 96% de similaridade com o do vírus RaTG13, obtido do morcego *Rhinolophus affinis*, valor bastante acima da similaridade encontrada com os pangolins, o que sugere que o pangolim não tenha transmitido o vírus diretamente ao homem. O RBD (Receptor-binding domain), do SARS-CoV-2 é capaz de aderir com alta afinidade no receptor ACE2 humano, entretanto, dos seis resíduos de aminoácidos identificados como essenciais para a ligação, somente um é compartilhado com o causador da SARS (SARS-CoV) ou com o RaTG13. Isso aponta que o SARS-CoV-2 através da seleção natural um novo sítio otimizado para a interação com o receptor humano. Por outro lado, vírus de pangolins, apesar de terem menor semelhança genômica com o SARS-CoV-2, apresentam uma região RBD muito mais parecida, conservando cinco dos seis resíduos de aminoácidos essenciais para a interação (ZHOU; YANG; WANG ET AL., 2020). Segundo Alexandre Hassanin, pesquisador da Universidade de Sorbonne, em seu artigo *Coronavirus origins: genome analysis suggests two viruses may have combined* (Edição: Estados Unidos), é possível que o vírus transmitido a humanos tenha sido um





produto quimérico resultante da recombinação entre um vírus semelhante ao RaTG13 de morcego e um segundo vírus próximo ao do pangolim. Portanto a origem do SARS-CoV-2 ainda não pode ser explicada.

O fator chave responsável pelo maior número de casos dentre os três patógenos é a maior taxa de transmissibilidade do COVID-19, que é capaz de ser transmitido em casos assintomáticos e têm uma taxa de letalidade relativamente baixa quando comparada a outros membros, como a SARS-CoV, o que aumenta a propagação da doença devido à maior circulação de indivíduos infectados. O maior número de mortes também é justificável, já que com mais pessoas infectadas os casos sérios se multiplicam e os hospitais ficam superlotados, sem poder dar assistência completa a todos os pacientes.

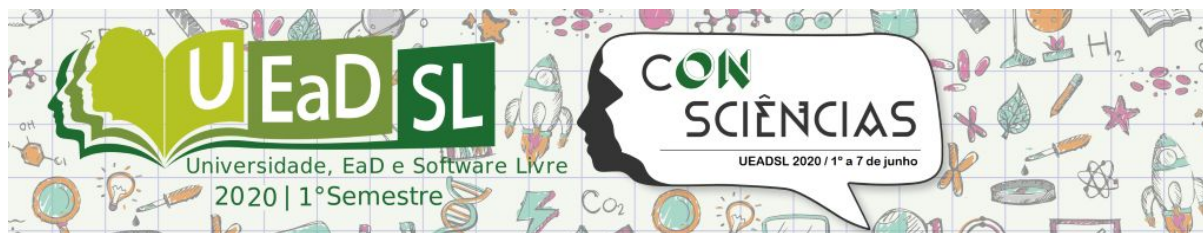
3. Coronavírus no Brasil

A falta de conhecimento acerca da atuação do coronavírus e seu padrão de transmissão tornam-se desafios principalmente em países de média e baixa renda e altos índices de desigualdade social. A comunidade científica brasileira sofreu consideráveis baixas durante o conturbado e frágil cenário político apresentado no último ano, e a combinação de tais fatores com a completa negligência e irresponsabilidade governamental no Brasil para com a saúde pública e a velocidade de disseminação do novo vírus resultam em incertezas sobre as projeções de possíveis estatísticas do número de infectados e mortes em território nacional. O país agora ocupa o terceiro lugar na lista mundial de casos confirmados do novo coronavírus, sendo liderada pelos EUA e, em seguida, pela Rússia.

3.1 Questão Socioeconômica

O aumento gradativo do número de casos no Brasil vem pressionando hospitais e profissionais da saúde, que lidam com precariedade e falta de recursos tais como respiradores, de importância crucial para tratar de casos graves de pessoas que sofrem de SDRA, e testes para confirmar os casos de SARS-CoV-2. Isso faz dos dados apresentados inconclusivos gerando equívocos sobre a quantidade de pessoas infectadas, tornando ainda mais complicada a determinação de um padrão de proliferação. Ademais, esses fatores são agravantes que sucedem uma crise que atinge múltiplos setores como o sanitário, econômico e educacional. A medida adotada para tentar diminuir o número de casos e o risco de trabalhadores essenciais foi o isolamento social, já adotado anteriormente em outros países afetados como a Itália, ele consiste em manter a população em domicílio para que a propagação do vírus diminua. Também houve o fornecimento, para pessoas de baixa renda, mães solteiras e/ou que são arrimo de família, de um auxílio emergencial no valor de 600 reais para cada beneficiário (e até dois benefícios por família), entretanto, trabalhadores informais, que correspondem a cerca de 38 milhões em todo o Brasil, e famílias em situação socioeconômica





desfavorável, com grande número de integrantes, são afetados, pois não conseguem satisfazer necessidades básicas e são sujeitos a lugares com tendências à aglomeração de pessoas, não mantendo um padrão de qualidade de vida, visto que, com o setor econômico afetado, produtos básicos como mantimentos que auxiliam na preservação da saúde do indivíduo não são acessíveis em grande parte dos casos.

Com a alteração da rotina do povo brasileiro, uma questão poucas vezes pautada é o aumento dos casos de violência e de abuso contra mulheres durante o distanciamento social. Com as restrições de locomoção e a redução do poder aquisitivo de mulheres socioeconomicamente desfavorecidas cria-se uma dependência financeira direta, dada a posição social do homem, atribuindo poder a abusadores. É reduzido também o contato da mulher com outras pessoas, como familiares e seu círculo de amizades, diminuindo o seu alcance e a possibilidade de pedir por socorro. No Rio de Janeiro, dados fornecido pelo plantão do Ministério Público Estadual, indicam que houve um aumento de 50% no primeiro final de semana após o decreto do isolamento social. Denúncias muitas vezes deixam de ser feitas, principalmente por mulheres de baixa renda residentes de lugares com poucos cômodos e sem acesso à internet, onde o confinamento se torna ainda mais paralisante por falta de meios de se denunciar com segurança, criando situações de extrema vulnerabilidade.

4. Conclusão

A pesquisa realizada atingiu o seu objetivo, trazendo informações sobre a família *coronaviridae*, sua morfologia e fisiopatologia, e sobre sua nova cepa, que é responsável pela atual pandemia e pelo isolamento social, que é de suma importância para evitar o aumento da transmissão do SARS-CoV-2. Entretanto, como relatado e exemplificado nesse artigo, essa mesma medida de proteção também é responsável pelo aumento de problemas sociais e déficit na economia do país, mostrando também a importância de uma boa gestão governamental para lidar com crises sanitárias de proporções mundiais como esta.

5. Referências

ANDERSEN, K.G., RAMBAUTt, A., LIPKIN, W.I. *et al.* The proximal origin of SARS-CoV-2. iN: Nat Med, nº 26, 2020, p. 450–452.

LAM, T.T., SHUM, M.H., ZHU, H. *et al.* Identifying SARS-CoV-2 related coronaviruses in Malayan pangolins. In: Nature, nº 579, 2020.

WU, F., ZHAO, S., YU, B. *et al.* A new coronavirus associated with human respiratory disease in China, foi publica. iN: Nature, nº 579, p. 265–269.

