

## CARACTERÍSTICAS DO SARS-CoV-2

Em dezembro de 2019, a Organização Mundial de Saúde foi informada sobre o aparecimento de casos de pneumonia de causa desconhecida, em Wuhan, na província de Hubei na China. Inicialmente os casos foram vinculados a um mercado atacadista de frutos do mar, embora muitos dos 41 casos iniciais negaram exposição ao mercado (LAUER, et al, 2020). Após investigações intensas, cientistas chineses conseguiram isolar o agente causador dessas infecções e a epidemia foi relacionada a um novo coronavírus (CoV), que mais tarde foi denominado pelo Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus (ICTV) de SARS-CoV-2, devido sua semelhança genética com o vírus SARS-CoV (responsável pela epidemia de 2002, na China) (DROSTEN et al., 2003; KSIAZEK et al., 2003; PEIRIS et al., 2003).

Os coronavírus (ordem *Nidovirales*, família *Coronaviridae* ) são uma grande família de vírus que podem infectar humanos e outras espécies animais como camelos, gado, gatos e morcegos (MEYER, 2014). Estima-se que 2% da população são portadores assintomáticos de CoVs e, anteriormente à atual pandemia, esses vírus eram responsáveis por 5-10% das infecções respiratórias agudas (CASCELLA, 2020) sendo portanto, um dos principais patógenos emergentes relacionados a doenças respiratórias (ASHOUR; ELKHATIB; RAHMAN; ELSHABRAWY, 2020).

Existem duas subfamílias de CoVs: *Orthocoronaviridae* e *Torovirinae* (ASHOUR; ELKHATIB; RAHMAN; ELSHABRAWY, 2020; CASCELLA; RAJNIK; CUOMO; DULEBOHN *et al.*, 2020). A subfamília *Orthocoronaviridae*, a qual pertence o novo coronavírus, é ainda subdividida em 4 gêneros:  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$  e  $\delta$  (ASHOUR; ELKHATIB; RAHMAN; ELSHABRAWY, 2020; GUO; CAO; HONG; TAN *et al.*, 2020). Os  $\alpha$  e  $\beta$ -CoV são capazes de infectar mamíferos, incluindo humanos, enquanto  $\gamma$  e  $\delta$ -CoV, tendem a infectar aves (GUO; CAO; HONG; TAN *et al.*, 2020). Raramente, os coronavírus animais atravessam barreiras interespecies e surgem como importantes patógenos humanos, como exemplos temos o [SARS-CoV](#) e [MERS-CoV](#) que foram responsáveis por duas epidemias humanas nas últimas duas décadas: a Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS) e a Síndrome Respiratória do Oriente Médio (MERS) (CDC).

Assim como os outros CoVs, o SARS-CoV-2, responsável pela COVID-19 é um vírus envelopado de aproximadamente 80 a 160 nm de diâmetro, com o maior genoma de RNA, que varia de 26 a 32 kb (Fig. 01). O genoma de RNA fita simples não segmentado e polaridade positiva (ssRNA) possui duas regiões não traduzidas (UTRs *do inglês untranslated region*) e uma única fase aberta de leitura (ORF, *do inglês open reading frame*) e codifica 4 proteínas estruturais principais: a espícula (S), envelope (E), proteína de membrana (M) e nucleocapsídeo (N), necessárias para a formação da partícula viral; e 2 poliproteínas precursoras (pp1a e pp1ab) que são processadas em 16 proteínas não estruturais (nsP1-16) que desempenham um importante papel na replicação e transcrição do RNA viral (KUMAR, 2020; ANDERSEN, 2020). Dentre elas, temos a nsP3 (protease

do tipo papaína), nsP5 (quimiotripsina), nsP12 (RNA polimerase dependente de RNA) e nsP13 (helicase) (CHAN,2020).

O SARS-CoV-2 é o sétimo vírus da família dos coronavírus já relatados como causadores de infecções em humanos. Todos eles são pertencentes ao gênero betacoronavírus. Uma característica importante dessa família são as espículas em forma de coroa, gerando assim o nome corona, que é a sua tradução em latim. Essas espículas proteicas são necessárias para a infecção celular e há sinais evolutivos presentes nos genomas demonstrando que cada vírus se utilizou de um modo diferente para formá-las. Nas análises genéticas do SARS-CoV-2, foi possível identificar mutações adaptativas, principalmente na subunidade S1 do gene da proteína S, que o tornou capaz de se ligar com alta afinidade à enzima conversora de angiotensina 2 (ECA2) humana, o que pode ter favorecido sua transmissibilidade e infecciosidade. (ANDERSEN; RAMBAUT;LIPKIN et al, 2020; CORMAN; MUTH; NIEMEYER; DROSTEN, 2018).

Análises filogenéticas demonstraram que o SARS-CoV-2 compartilha 96% de identidade do seu genoma completo com o CoV de morcego, o BatCoV RaTG13; 91,02% com o genoma de pangolins, o Pangolin-CoV e 79% com o SARS-CoV, sugerindo a transmissão interespecie até a infecção humana e a existência de reservatórios animais do novo vírus (ZHANG; WU; ZHANG, 2020). Entretanto, ainda não é possível afirmar a origem do vírus, o que sabemos até o momento é que qualquer cenário baseado em manipulação laboratorial do mesmo não é plausível, uma vez que o processo de seleção natural no hospedeiro humano ou animal provavelmente é o que contribuiu para sua permanência e transmissão no homem (ANDERSEN, 2020).

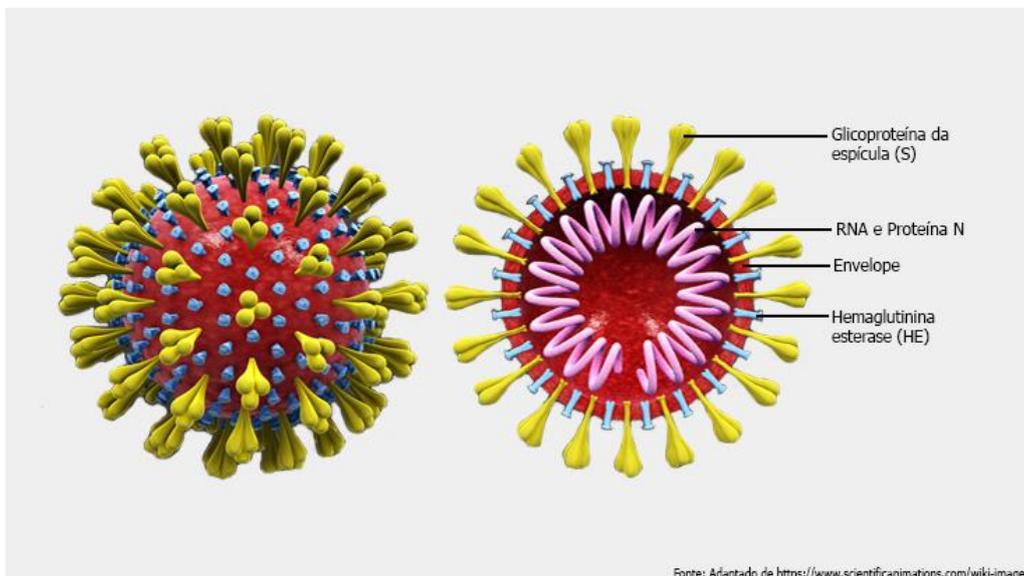


Figura 01 - Representação esquemática da estrutura do Coronavírus. Fonte: Adaptado de <https://www.scienficanimations.com/wiki-images/>

## Referências

ANDERSEN, K.G., RAMBAUT, A., LIPKIN, W.I. et al. The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nat Med* (2020). <https://doi.org/10.1038/s41591-020-0820-9> *Ann Intern Med*. 2020 Mar 10. doi: 10.7326/M20-0504

CASCELLA, M. et al. *Features, Evaluation and Treatment Coronavirus (COVID-19)*. Napoli: Statpearls Publishing Llc, 2020.

CHAN, J.F. et al. Genomic characterization of the 2019 novel human-pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan. *Emerging Microbes & Infections*, [s.l.], v. 9, n. 1, p.221-236, 1 jan. 2020. Informa UK Limited. <http://dx.doi.org/10.1080/22221751.2020.1719902>

CHAN, J.F.; TO, K.K.; TSE, H.; JIN, D.; YUEN, K. Interspecies transmission and emergence of novel viruses: lessons from bats and birds. *Trends In Microbiology*, [s.l.], v. 21, n. 10, p.544-555, out. 2013. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tim.2013.05.005>.

CORMAN, V. M.; MUTH, D.; NIEMEYER, D.; DROSTEN, C. Hosts and Sources of Endemic Human Coronaviruses. *Advances In Virus Research*, [s.l.], p.163-188, 2018. Elsevier. <http://dx.doi.org/10.1016/bs.aivir.2018.01.001>.

GORBALENYA, A.E. et al. Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: The species and its viruses – a statement of the Coronavirus Study Group. Preprint on bioRxiv. doi: <https://doi.org/10.1101/2020.02.07.937862>

GUO, Y. et al. The origin, transmission and clinical therapies on coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak – an update on the status. *Military Medical Research*, [s.l.], v. 7, n. 1, p.1-10, 13 mar. 2020. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1186/s40779-020-00240-0>

KUMAR, Swatantra; MAURYA, Vimal K.; PRASAD, Anil K.; BHATT, Madan L. B.; SAXENA, Shailendra K.. Structural, glycosylation and antigenic variation between 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) and SARS coronavirus (SARS-CoV). *Virusdisease*, [s.l.], v. 31, n. 1, p.13-21, mar. 2020. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s13337-020-00571-5>

LAI, M. M. C. Corona Virus: Organization, Replication and Expression of Genome. *Annual Review Of Microbiology*, [s.l.], v. 44, n. 1, p.303-303, out. 1990. Annual Reviews. <http://dx.doi.org/10.1146/annurev.mi.44.100190.001511>

LAUER S.A. et al. The Incubation Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) From Publicly Reported Confirmed Cases: Estimation and Application.

MEYER, B., DROSTEN, C., MÜLLER, M.A. Serological assays for emerging coronaviruses: Challenges and pitfalls. *Virus Research* 194 (2014) 175–183.

WHO. World Health Organization. Novel Coronavirus (2019-nCoV) SITUATION REPORT - 1 21 JANUARY 2020. [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200121-sitrep-1-2019-ncov.pdf?sfvrsn=20a99c10\\_4](https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200121-sitrep-1-2019-ncov.pdf?sfvrsn=20a99c10_4). Accessed on March, 26

ZHANG, T.; WU, Q.; ZHANG, Z. Probable Pangolin Origin of SARS-CoV-2 Associated with the COVID-19 Outbreak. *Curr Biol*, Mar 13 2020.

Maringá, 27/03/2020 12:00h