

Importância do acompanhamento e das intervenções relacionadas ao novo Corona Vírus (Sars-Cov-2), desde sua descoberta até os dias atuais – uma revisão da literatura

Importance of monitoring and interventions related to the new Corona Virus (Sars-Cov-2), from its discovery to the present day - a literature review

Importancia del seguimiento e intervenciones relacionadas con nuevo Virus Corona (Sars-Cov-2), desde su descubrimiento hasta la actualidad - revisión de la literatura

Recebido: 01/11/2021 | Revisado: 08/11/2021 | Aceito: 10/11/2021 | Publicado: 14/11/2021

Bruno Edvaldo da Silva

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6310-1648>

Centro Universitário Unifavip, Brasil

E-mail: [Bruno.esilva@outlook.com.br](mailto: Bruno.esilva@outlook.com.br)

Jardeilson José da Silva

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5212-4705>

Master Fórmula LTDA: Farmaconde, Brasil

E-mail: [Jardeilsonj.silva@gmail.com](mailto: Jardeilsonj.silva@gmail.com)

Lidiane Gomes da Silva

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4837-9016>

Centro Universitário Unifavip, Brasil

E-mail: [lidianegomesp@hotmail.com](mailto: lidianegomesp@hotmail.com)

Resumo

Em 1965 o primeiro coronavírus humano (HCoV) foi identificado. Nos anos seguintes, tipos de cepas foram o foco de diversas pesquisas, até surgir o Coronavírus que ocasionou uma síndrome aguda grave altamente patogênica em 2002 a 2003. O SARS-CoV-2 (sigla do inglês que significa coronavírus 2 da síndrome respiratória aguda grave) identificado em dezembro de 2019 é o agente etiológico da doença causada pelo Coronavírus 2019 (COVID-19). O alvo primordial do SARS-CoV-2 é o trato respiratório e, sua presença no local, causa inflamações que podem ocasionar sinais clínicos. Esse vírus é capaz de infectar vários hospedeiros, causando uma variedade de doenças hepáticas, entéricas, respiratórias, e do sistema nervoso central. O presente estudo objetivou realizar uma revisão da literatura científica para identificar e apontar a importância do acompanhamento e das intervenções nos cuidados com os pacientes, devido as novas mutações do novo Coronavírus. Para realização da pesquisa, as palavras-chaves, COVID-19, novo coronavírus, acompanhamento, mutações e intervenções foram utilizados. Tais palavras chaves foram associadas utilizando o operador booleano AND. Foram incluídos 11 artigos nos resultados que caracterizavam o tema de estudo. Na análise dos artigos foi possível identificar que, a COVID-19 vem sendo disseminada por vários países desde 2019, sendo classificado como Pandemia pela OMS. Ademais, observa-se que autoridades de saúde pública tomaram medidas protetivas para acompanhar os pacientes com COVID-19, além de realizar o acompanhamento do desenvolvimento de novas variantes do vírus através do sequenciamento genômico. Além disso, vacinas têm sido desenvolvidas, com finalidade de evitar disseminação do vírus, e sinais clínicos graves em pessoas contaminadas. Em breve, todos estarão imunizados contra o Novo coronavírus e as variantes da SARS-CoV-2, frisando a importância e necessidade de estudos para compreensão do vírus em sua forma, estrutura e possíveis mutações.

Palavras-chave: COVID-19; Novo coronavírus; Acompanhamento; Mutações; Intervenções.

Abstract

The first human coronavirus (HCoV) was identified in 1965. In the following years, types of strains were the focus of several studies, until the emergence of the Coronavirus that caused a highly pathogenic severe acute syndrome in 2002 to 2003. SARS-CoV-2 (Acronym for Coronavirus 2 of severe acute respiratory syndrome) identified in December 2019 as the etiologic agent of the disease caused by Coronavirus 2019 (COVID-19). The primary target of SARS-CoV-2 is the respiratory tract and its presence at the site causes inflammation that can cause clinical signs. This virus is capable of infecting multiple hosts, causing a variety of liver, enteric, respiratory, and central nervous system diseases. This study aimed to carry out a review of the scientific literature to identify and point out the importance of

monitoring and interventions in patient care, due to new mutations of the new Coronavirus. To carry out the research, the keywords COVID-19, new coronavirus, monitoring, mutations and interventions were used. Such keywords were associated using the Boolean AND operator. Eleven articles were included in the results that characterized the study theme. In analyzing the articles, it was possible to identify that COVID-19 has been disseminated by several countries since 2019, being classified as a Pandemic by the WHO. Furthermore, it is observed that public health authorities took protective measures to monitor patients with COVID-19, in addition to monitoring the development of new variants of the virus through genomic sequencing. Furthermore, vaccines have been developed in order to prevent the spread of the virus and serious clinical signs in infected people. Soon, everyone will be immunized against the New Coronavirus and SARS-CoV-2 variants, stressing the importance and need for studies to understand the virus in its form, structure and possible mutations.

Keywords: COVID-19; New coronavirus; Follow-up; Mutations; Interventions.

Resumen

En 1965 se identificó el primer coronavirus humano (HCoV). En los años siguientes, los tipos de cepas fueron objeto de diversas investigaciones, hasta la aparición del Coronavirus que causó un síndrome agudo severo altamente patógeno entre 2002 y 2003. El SARS-CoV-2 (síndrome respiratorio agudo severo) identificado en diciembre de 2019 es el agente etiológico de la enfermedad causada por el Coronavirus 2019 (COVID-19). El tracto respiratorio es el más afectado por el SARS-CoV-2, y su presencia allí provoca una inflamación. Este virus es capaz de infectar a múltiples huéspedes, causando una variedad de enfermedades hepáticas, entéricas, respiratorias y del sistema nervioso central. El presente estudio tuvo como objetivo realizar una revisión de la literatura científica para identificar y señalar la importancia de la vigilancia y las intervenciones en el cuidado de los pacientes, debido a las nuevas mutaciones del nuevo Coronavirus. Para la realización de esta investigación se utilizaron las palabras clave COVID-19, nuevo coronavirus, seguimiento, mutaciones e intervenciones. Estas palabras clave se asociaron mediante el operador booleano AND. En los resultados se incluyeron once artículos que caracterizaron el tema del estudio. En el análisis de los artículos se pudo identificar que, el COVID-19 se ha extendido por varios países desde 2019, siendo clasificado como Pandemia por la OMS. Además, se observa que las autoridades de salud pública han tomado medidas de protección para controlar a los pacientes con COVID-19, además de vigilar el desarrollo de nuevas variantes del virus mediante la secuenciación genómica. Además, se han desarrollado vacunas para prevenir la propagación del virus y los signos clínicos graves en las personas infectadas. Pronto, todo el mundo estará inmunizado contra el nuevo coronavirus y las variantes del SARS-CoV-2, lo que subraya la importancia y la necesidad de realizar estudios para comprender el virus en su forma, estructura y posibles mutaciones.

Palabras clave: COVID-19; Nuevo coronavirus; Seguimiento; Mutaciones; Intervenciones.

1. Introdução

Em 1965 o primeiro coronavírus humano (HCoV) foi identificado. A cepa B814 foi isolada de uma secreção nasal de um paciente com resfriado comum. Desde então, foram descobertas mais de 30 cepas. Nos anos seguintes, os tipos de cepas foram o foco de diversas pesquisas, até o surgimento do coronavírus que causou uma síndrome aguda grave, altamente patogênica (SARS-COV) no ano de 2002 e 2003. Posteriormente foram isoladas algumas amostras de pacientes diferentes e, em algumas culturas foi possível observar a presença de cepas do vírus no órgão traqueal, causando bronquite e pneumonias nos pacientes (Liu, D. et al., 2021).

Pertencente à ordem Nidovirales e família Coronaviridae, o Coronavírus (CoV) é composto por gêneros *Alphacoronavirus* e *Betacoronavirus*, seus membros são conhecidos por infectarem mamíferos, além disso, as espécies *Gammacoronavirus* e *Deltacoronavirus* são responsáveis por infectar aves e mamíferos. Há algumas décadas, os Coronavírus não eram considerados como agentes patogênicos em seres humanos, já que apenas era responsável por causar leves infecções do trato respiratório superior (Duarte, 2020).

O SARS-CoV-2 é o novo *betacoronavírus* identificado no final de dezembro de 2019 e é o agente etiológico da doença pelo coronavírus 2019 (Covid-19). O alvo primordial do SARS-CoV-2 é o trato respiratório, e sua presença no local causa inflamações que pode ocasionar sinais clínicos típicos como febre, tosse seca, fadiga e dispneia. Entre 10 a 20% dos

pacientes desenvolvem uma forma grave, necessitando de internação hospitalar ou tratamento em unidades de terapia intensiva (UTI) (Bourgonje et al. 2020).

Vários estudos relatam que o SARS-CoV-2 atua na mesma enzima conversora de angiotensina 2 (ECA2). No epitélio pulmonar existe dois tipos principais de ECA, sendo ECA classicamente ligada à conversão de angiotensina I em angiotensina II, cujos efeitos são vasoconstrição e remodelamento cardíaco (Cespedes & Souza, 2020). Os órgãos que expressam um nível alto de ECA2 são alvos potenciais de infecção por SARS-CoV-2. Assim, a distribuição e abundância de ECA2 em órgãos pode estar intimamente relacionado aos sintomas clínicos de COVID-19, por ser encontrada no coração, rins, e pulmões, que é o principal órgão alvo da infecção por SARS-CoV-2 (Li, et al., 2020).

A característica da cepa SARS-CoV-2 presentes em animais apresenta uma distância similar filogenética bastante significativa da forma de mutação genética do coronavírus identificado atualmente. Essa forma identificada nos animais já causava doenças humanas, já que compartilhavam 79 e 50% da identidade com SARS-CoV e MERS-CoV, respectivamente, também identificado na forma genética que causa a COVID-19. Estudos mostraram que o SARS-CoV-2 possui a mesma enzima conversora de angiotensina 2 (ECA2) tal como SARS-CoV para obter entrada nas células alvo (Uzunian, 2020).

O coronavírus é capaz de infectar uma variedade de hospedeiros, principalmente outros mamíferos, causando assim, uma variedade de doenças hepáticas, entéricas, respiratórias, e do sistema nervoso central. Com base em suas características genótípicas e sorológicas, os coronavírus estão divididos em 3 gêneros, denominados de 1, 2 e 3. O grupo 1 e 2 estão compostos por coronavírus de mamíferos, enquanto o três até pouco tempo, apenas por coronavírus aviários. Os coronavírus 299E e NL63 pertencem ao grupo 1, e o coronavírus PC43, HKU-1 e SARS ao grupo 2. Recentemente, o Grupo de Estudo de Coronavírus do Comitê Internacional para Taxonomia Viral (ICTV) propôs a substituição dos 3 grupos tradicionais por gêneros *Alfacoronavírus* (Grupo 1), *Betacoronavírus* (Grupo2) e *Gamacoronavírus* (Grupo 3) (Teles, 2016).

Em dezembro de 2019, um grupo de pacientes na China, demonstraram sinais de síndrome respiratória aguda grave e infecções por síndrome respiratória. Os pacientes exibiram sintomas de pneumonia viral incluindo febre, dificuldade respiratória e infiltração pulmonar bilateral nos casos mais graves. Mais pacientes começaram a surgir e foi necessário averiguar a fonte da propagação desse vírus. Após extensa especulação sobre um agente causador, o Centro Chinês para Controle e Prevenção de Doenças (CDC) confirmou um relatório do Wall Street Journal e anunciou a identificação de um novo CoV em 9 de janeiro de 2020. O novo CoV (2019-nCoV) foi isolado de um único paciente e posteriormente verificado em 16 pacientes adicionais. O vírus se propagou de uma forma não esperada e não demorou muito para a necessidade da OMS (Organização Mundial de Saúde) junto a demais organizações, decretarem a situação como estado, pandêmico (Who, 2021).

A COVID-19 vem se disseminando por diversos continentes desde 2019, sendo classificada como Pandemia pela OMS e, segundo dados apontados pela mesma, cerca de 80% de pacientes com COVID-19 desencadeiam apenas sintomas leves ou sem complicações. Devido a presença do vírus, 15% das pessoas infectadas podem evoluir para uma internação hospitalar, necessitando de oxigênio e os 5% restante requerem uma atenção imediata na Unidade de Terapia Intensiva (UTI). Com essa capacidade de propagação e rapidez que o vírus possui, a população e os sistemas de saúde sofrem sérios problemas devido à alta demanda requerida de leitos ocasionados pela doença (Noronha et al. 2020).

No início da pandemia, o Brasil contava com 8.139 unidades hospitalares e 490.397 leitos, equivalente a 2,3 leitos por 1.000 habitantes. De acordo com a Organização para Cooperação e Desenvolvimento Econômico (OCDE), essa quantidade de leitos ofertados pelo Brasil é equivalente a países como Canadá, Suécias e outros. Isso sugere a crer que o sistema de saúde tem capacidade de ofertar condições de tratamento adequado à população de forma organizada, se necessário. Dos 490.397 leitos hospitalares, 270.880 leitos gerais são clínicos e cirúrgicos, 34.464 leitos são de UTI para adultos, correspondendo a 66% leitos clínicos e, 48% leitos cirúrgicos, disponíveis para o SUS, respectivamente. A taxa de ocupação dos leitos gerais utilizados pelo SUS (Sistema Único de Saúde), é relativamente baixa para os hospitais de pequeno porte, onde há a ocupação

de 24% dos leitos, comparada a 75% nos hospitais de grande porte, onde na UTI, percebe-se o esgotamento maior do sistema de saúde, com taxa de ocupação de aproximadamente 70% (Noronha et al, 2020).

Desde a descoberta da nova mutação do coronavírus em dezembro de 2019, o número de casos confirmados e de óbitos aumentam cada vez mais, chegando a aproximadamente 123.758.893 totais de casos, 2.725.167 casos de óbitos e 2.725.167 de casos recuperados segundo Organização Mundial de Saúde. Por ser um vírus de fácil disseminação que pode acarretar sintomas de leves a moderados nas pessoas, se faz necessário uma grande cautela por parte da população pois, os números de leitos ocupados por pacientes com sintomas de moderados a graves nos hospitais estão cada vez mais limitados, reforçando a importância do isolamento social. Mesmo com o desenvolvimento de algumas vacinas e do plano de vacinação na população de maiores riscos, o mundo ainda sofre perdas (Cespedes & Souza, 2020).

A falta de isolamento social, tem permitido que o vírus aumente a sua circulação entre as pessoas e conseqüentemente permite que ele consiga sofrer mais mutações, gerando novas variantes. As novas variantes encontradas do novo coronavírus são mais infectantes, fazendo com que a disseminação da doença se propague cada vez mais rápido e conseqüentemente mais pessoas cheguem ao óbito por causa da doença (Bourgonje et al. 2020).

Diante do exposto, este trabalho é de extrema relevância pois visa apontar a importância do acompanhamento e das intervenções nos cuidados com os pacientes, devido as novas mutações do novo Coronavírus (SARS-COV-2). Assim como adquirir conhecimento acerca dos acompanhamentos e das intervenções relacionadas as mutações do novo coronavírus (SARS-COV-2), desde sua descoberta até os dias atuais.

2. Metodologia

2.1 Tipo de Estudo

Esta pesquisa é do tipo qualitativa e descritiva, tratando-se de uma pesquisa documental e, apresentando-se como uma revisão da literatura, onde tem por objetivo produzir informações aprofundadas sobre a importância do acompanhamento e das intervenções relacionadas as mutações do novo coronavírus (SARS-COV-2), desde sua descoberta até os dias atuais com características como: observação do fenômeno; hierarquização das ações de descrever, compreender e explicar, além de permitir maior precisão das relações entre o global e o local em relação ao tema abordado; buscando resultados fidedignos, que acontecem na vida social, econômica, política e demais aspectos do comportamento do ser humano (Gerhardt & Silveira, 2009).

2.2 Coleta de Dados e Critérios de Inclusão e Exclusão

Trata-se de uma revisão bibliográfica que possui caráter qualitativo, onde tem por intuito verificar publicações de autores diferentes e reuni-las para analisar e descrever de forma clara e simples a junção de diversas ideias, de acordo com o conteúdo do tema. A pesquisa será realizada a partir de artigos científicos arquivados na base de dados da Scientific Electronic Library Online (SciELO), através de periódicos online como BVS (biblioteca virtual de saúde), Pubmed, LILACS e Medline, a partir dos seguintes critérios de inclusão: artigos originais, até 05 anos, nas línguas português, inglês e espanhol que estejam dentro da temática estudada. Serão utilizados artigos que sejam relacionados com acompanhamento e intervenções relacionadas as mutações do novo Coronavírus (SARS-COV-2 CoronaVírus), utilizando os descritores: Intervenções, Acompanhamento e Novo Coronavírus, além das respectivas palavras em inglês (Interventions, Monitoring and New Coronavírus). As buscas serão realizadas utilizando as palavras chaves, incluindo o operador booleano “AND”.

Quanto aos critérios de inclusão, serão inclusos todos os artigos que compreendem, relatam e debatem o tema. Serão consideradas todas as informações sobre o tema nos últimos 5 anos. E quanto aos critérios de exclusão, serão excluídos os

artigos que não abordem o tema. Serão excluídos também informações de sites ou qualquer informação que não seja de natureza científica.

3. Resultados

A partir da busca e análise dos artigos pesquisados, foi possível organizar os critérios de seleção dos artigos incluídos no presente estudo. Os dados observados nos artigos incluídos do presente estudo, podem ser observados conformes estão detalhadas na Tabela 1.

Tabela 1. Critérios para inclusão dos artigos científicos.

Período de publicação	2016 a 2021
Base de dados/ferramentas	Scielo, Google acadêmico, Pubmed, LILACS e Medline
Descritores	Intervenções, Acompanhamento e Novo Coronavírus; Interventions, Monitoring and New Coronavírus
Operador booleano	“and”
Critério de inclusão	Foram inclusos todos os artigos que compreenderam, relataram e debateram o tema. Sendo consideradas todas as informações sobre o tema nos últimos 5 anos
Critério de exclusão	Foram excluídos os artigos que não abordaram o tema. Sendo excluídos também informações de sites ou qualquer informação que não seja de natureza científica.
Idiomas	Português e Inglês
Total de artigos	11 artigos

Fonte: Autores.

Desde a confirmação do primeiro caso confirmado do vírus no Brasil, os órgãos da saúde repassaram medidas e formas de intervenção contra o COVID-19, a OMS (2020) especificou de maneira documentada um checklist de medidas para o enfrentamento do coronavírus, citando a quarentena, isolamento social, distanciamento, lavagem das mãos, ventilação de ambientes, evitar o compartilhamento de objetos, como principais formas de evitar a propagação do vírus, sendo empregado também estratégias que incentivam o uso de plataformas e aplicativos que mantem os trabalhos não essenciais e a interação das pessoas. Há também um grande foco por parte da comunidade científica em compreender como melhor intervir no tratamento de indivíduos já infectados e também a relação das mutações que tendem a surgir com a evolução do SARS-CoV-2 (Mercês, *et al.*, 2021).

Diante da curiosidade observada no objetivo do presente estudo, foi possível sumarizar na Tabela 2, os dados sobre acompanhamento e intervenção do novo coronavírus desde a descoberta até os dias atuais. A tabela a seguir descreve os diferentes os pontos de vista de diferentes autores a respeito do tema, havendo um conflito e complemento de ideias correlacionado ao tema.

Tabela 2. Síntese dos artigos pesquisados relacionadas a importância do acompanhamento e das intervenções relacionadas as mutações do novo Coronavírus.

AUTOR	OBJETIVOS	RESULTADOS
SILVEIRA; COSTA; FRANÇA; PEREIRA; LOMONACO; LEAL JUNIOR, 2021	O objetivo do presente artigo é relatar a experiência do projeto de ensino de apoio ao telemonitoramento dos casos de Covid-19, ressaltando a oportunidade de integração entre ensino, pesquisa e extensão, além da utilização de novas possibilidades de ensino-aprendizagem em ambiente virtual.	Para o telemonitoramento, o projeto foi um ponto de apoio que ajudou a sustentar a atuação de um grupo que, em meio ao isolamento social e a paralisação de atividades, empenhou-se em uma ação importante para o enfrentamento da pandemia. Esse apoio contribuiu tanto para a qualificação da estratégia, por meio do aprofundamento dos conhecimentos e da atualização quase em tempo real, como para o aumento da capacidade de resiliência frente ao clima de tensão e medo causado pelo estado de emergência em saúde pública em que a humanidade se encontra. Observou-se então que, além da atuação em domínio cognitivo, a ação contribuiu também para a saúde mental dos estudantes e professores em um momento difícil para todos.
RABHA, <i>et al.</i> , 2020	Descrever as manifestações clínicas e a gravidade de crianças e adolescentes acometidos pela COVID-19 atendidos no Sabará Hospital Infantil.	Os resultados do estudo confirmam achados anteriores que afirmam que crianças acometidas pela COVID-19 apresentam quadros mais leves e menor mortalidade do que adultos. Cerca de 70% das crianças acometidas pela COVID-19 manifestaram quadro de IVAS, sem acometimento de vias aéreas inferiores, entretanto vale destacar que, mesmo com apresentação mais branda, 27% dos nossos casos exibiam pneumonia e 19% foram hospitalizados, sendo 10% em UTI, com indicação de cuidados intensivos feita pela equipe que assistia às crianças. O grupo de crianças estudado foi formado pelos que procuraram atendimento em pronto-socorro ou foram hospitalizados, refletindo, assim, as manifestações clínicas dos mais severamente acometidos. É razoável especular que um grande grupo de crianças assintomáticas ou oligossintomáticas nem tenha procurado atenção médica.
PORTUGAL, <i>et al.</i> , 2020	Relatar a percepção da equipe de enfermagem de um hospital em um município no interior do estado do Amazonas, diante da pandemia de coronavírus, expondo os principais medos e ansios frente as incertezas do novo cenário mundial e os desafios vindouros.	Diante do surto mundial de COVID-19, a administração pública do município adotou medidas de contingenciamento já implementadas em vários territórios nacionais, determinando o fechamento de estabelecimentos comerciais não essenciais, como academias, centros de ginásticas e transporte de passageiros por via fluvial, além das suspensões das atividades escolares por tempo indeterminado.
RIOS, <i>et al.</i> , 2020	Diante do cenário causado pela pandemia, a experiência elegeu como objetivos: organizar fluxo de atendimento no Centro de Saúde durante a pandemia; minimizar a transmissão do coronavírus na comunidade e entre os trabalhadores e profissionais de saúde da unidade; e capacitar as equipes para lidar com as possíveis situações de saúde no decorrer da pandemia.	O resgate da Educação em Saúde e o foco na Educação Permanente facilitaram a adesão ao distanciamento social pela comunidade e capacitou a equipe para lidar com a situação atual. Além disso, a pandemia estimulou nos profissionais de saúde uma reinvenção das formas de atuação, bem como a ressignificação dos processos de autocuidado. Nesse contexto, a utilização das Práticas Integrativas e Complementares e da criatividade no cuidado de si e do outro permitiram o desenvolvimento da empatia, o fortalecimento do vínculo, a harmonia e o controle emocional, mesmo em meio ao pânico criado pela pandemia.
LIMA, L.; SOUSA; LIMA, K., 2020	Auxiliar no entendimento da COVID-19 em relação à origem do SARS-CoV-2, suas descobertas genômicas, patogenia, possíveis hospedeiros primários e intermediários, além da comparação com outros coronavírus.	As características genômicas descritas até o momento podem explicar, em parte, a infectividade e a transmissibilidade do SARS-CoV-2 em humanos. Devido aos notáveis recursos de SARS-CoV-2, incluindo o local otimizado do domínio de ligação ao receptor (RBD) e de clivagem polibásica, é pouco provável um cenário laboratorial para a origem do SARS-CoV-2.

<p>ZANARDINI, L.; ZANARDINI, M., 2021</p>	<p>Promover a atualização com base em publicações científicas sobre a infecção humana pelo coronavírus e as diferenças genéticas comparativas ao SARS.</p>	<p>Em dezembro de 2019 foi identificado um novo coronavírus, patógeno causador de pneumonia viral em Wuhan, China., confirmada a transmissão de humanos para humanos, onde as análises filogenéticas dos genomas do 2019-nCoV, foi utilizada para identificar sua origem e as possíveis propriedades de ligação ao receptor do vírus. A análise revelou que 2019-nCov, está em um subgênero Sarbecovirus do gênero Betacoronavirus, e geneticamente distinto do SARS-Cov.; na análise comparativa entre SARS e o 2019-nCov foi notada a presença de uma proteína de pico mais longa codificada por este, sendo esta a distinção entre ambos. Sendo, portanto, o 2019-nCoV, pode ser considerado um novo betacoronavirus que infecta humanos, ainda que os morcegos possam ser o hospedeiro original, podem existir hospedeiros intermediários, favorecendo o aparecimento deste vírus em humanos.</p>
<p>NOBRE, <i>et al.</i>, 2014</p>	<p>O objetivo deste trabalho foi identificar a ocorrência dos CoVh em pacientes com infecção respiratória aguda (IRA) na Cidade de Belém, Estado do Pará, Brasil, atendidas pelo programa de vigilância do vírus da influenza do Instituto Evandro Chagas. No período compreendido entre agosto de 2009 a março de 2011, amostras de aspirado da nasofaringe ou <i>swab</i> combinado (nasal e oral) obtidas de 308 pacientes com diagnóstico clínico de IRA, foram laboratorialmente investigadas na busca de evidências de infecção pelo CoVh.</p>	<p>No período estudado, foi detectada uma amostra positiva para o CoVh-OC43 entre 308 pacientes com IRA investigados. O paciente em questão pertencia ao sexo feminino, com 93 anos de idade e quadro clínico sugestivo de IRA. De acordo com a Organização Mundial da Saúde, as doenças infecciosas, incluindo as IRA, são listadas entre as maiores causas de morbidade e mortalidade no mundo inteiro até o ano de 2011; os CoVh, como um dos patógenos causadores desta doença, vêm sendo inseridos nestas estatísticas, já que os distintos subtipos deste vírus (dentre eles o OC43) vêm sendo associados, a cada ano, a casos desta doença, o que os tem tornado um agente infeccioso com importância clínica mundial.</p>
<p>SOUZA, K.; SILVA, M.; OLIVEIRA, M., 2020</p>	<p>Este estudo, tem por objetivo descrever as principais bases moleculares de mutações do vírus SARS-CoV-2, que deu suporte para o favorecimento da sua transmissibilidade entre seres humanos de forma acentuada.</p>	<p>O SARS-CoV-2 contém RNA de fita simples de senso positivo e possuindo característica de ser um beta-coronavírus. O embasamento de estudos relacionados à mutação desse vírus obteve-se pela identificação da otimização da ligação do SARS-CoV-2 ao receptor ACE2 denominada de enzima conversora de angiotensina 2, na qual, apresenta uma maior expressão em doentes crônicos, a mutação na proteína S (Spike), que compreende o domínio de ligação ao receptor (Principalmente ao receptor ACE2), e a clivagem polibásico glicanos ligados ao O. Essas mutações podem ter acentuado de forma significativa a afinidade de ligação da proteína S à ligação ao receptor ACE2, se tornando uma ligação forte, e juntamente com a clivagem polibásica, podem ter elevado o fator de virulência do SARS-CoV-2, e sua característica de transmissibilidade rápida entre a população.</p>
<p>CAMARGO, <i>et al.</i>, 2021</p>	<p>O objetivo é monitorar a diversidade de SARS-CoV-2, por meio do sequenciamento de genoma completo do vírus, para conhecer o perfil genômico do vírus, monitorar a evolução da pandemia de COVID-19, fornecer dados para estudos de filogenia e evolução geográfica da doença, identificar mutações e seu impacto na situação epidemiológica e avaliar possível correlação entre dados genômicos, laboratoriais, epidemiológicos e clínicos de pacientes com COVID-19.</p>	<p>O Brasil tem se destacado na produção de sequências do novo coronavírus, considerando sua capacidade instalada, acesso a insumos e financiamentos em Ciência e Tecnologia. De acordo com Yuki Furuse, em artigo publicado em 2021, sobre os esforços dos países no sequenciamento genômico do SARS-CoV-2, o Brasil consta em 11º lugar na classificação mundial considerando indicadores estabelecidos no estudo.</p>
<p>YU, <i>et al.</i>, 2021</p>	<p>Este trabalho tem por objetivo observar a variante Delta, assim como documentar.</p>	<p>A variante SARS-CoV-2 Delta evoluiu como a cepa dominante da pandemia atual. Estudos demonstraram que esta variante aumentou a infectividade, carga viral e reduziu neutralização pelos anticorpos do hospedeiro de pacientes convalescentes vacinados. Clinicamente, Delta infecção variante foi observada e documentada em pacientes vacinados, embora com menor incidência de doenças graves, mas pode servir como</p>

		reservatório para espalhar a infecção para pessoas não vacinado.
BERNAL, <i>et al.</i> , 2021	O projeto de caso-controle com teste negativo para estimar a eficácia da vacinação contra doença sintomática causada pela variante delta ou a predominante cepa (B.1.1.7, ou variante alfa) durante o período em que a variante delta começou circulando.	As variantes foram identificadas com o uso de sequenciamento e com base do status do gene spike (S). A eficácia após uma dose da vacina (BNT162b2 ou ChAdOx1 nCoV-19) foi notavelmente menor entre as pessoas com a variante delta (30,7%; intervalo de confiança de 95% [CI], 25,2 a 35,7) do que entre aqueles com a variante alfa (48,7%; IC 95%, 45,5 a 51,7); os resultados foram semelhantes para ambas as vacinas. Com a vacina BNT162b2, a eficácia de duas doses foi de 93,7% (IC de 95%, 91,6 a 95,3) entre as pessoas com a variante alfa e 88,0% (IC 95%, 85,3 a 90,1) entre aqueles com a variante delta. Com a vacina ChAdOx1 nCoV-19, a eficácia de duas doses foi de 74,5% (IC de 95%, 68,4 a 79,4) entre as pessoas com a variante alfa e 67,0% (IC de 95%, 61,3 a 71,8) entre aqueles com a variante delta.

Fonte: Autores (2021).

4. Discussões

Todo o mundo tem sofrido mudanças desde os primeiros casos e descoberta do coronavírus do final de 2019 até os dias atuais, tornando-se uma crise mundial grave. Segundo dados apontados em abril de 2021 pela OMS, 210 países de todo o mundo confirmaram um total de 2,1 milhão de casos positivos de COVID-19 e um número de mortes que já ultrapassa 144 mil (Rios, *et al.*, 2020). De acordo com Camargo, *et al.* (2021), no Brasil, a situação encontra-se em extrema vulnerabilidade, apesar das aplicações de vacina em boa parte da população e das medidas de proteção que ajudaram na diminuição de casos confirmados e de mortes, o país encontra-se em crise econômica, com altas taxas de desemprego e baixo investimento no campo de pesquisa e saúde.

A infecção por SARS-CoV-2 de forma clínica, pode apresentar-se como doença respiratória aguda (DRA), pneumonia em diferentes graus, sintomas que se assemelham a infecções virais comuns, dispneia e febre alta em portadores sintomáticos, podendo evoluir para situação grave, necessitando de oxigenioterapia e/ou suporte ventilatório, ou também nenhum sinal clínico por pacientes assintomáticos (Nobre, *et al.*, 2014). Pessoas que apresentam sinais leves devem ser tratados em suas próprias casas, com intuito de evitar possíveis transmissões, indica-se que o mesmo permaneça em isolamento e uso de máscara se estiver na presença de outra pessoa em qualquer ambiente. É importante lembrar que em caso de pacientes assintomáticos o mesmo também deve permanecer em isolamento por 14 dias a partir da confirmação do teste, período de incubação da doença. Os pacientes que evoluem para sintomas graves, necessitando de internação hospitalar podem necessitar de oxigenação, ou outra abordagem clínica que trate os sintomas de forma paliativa (Portugal, *et al.*, 2020).

Segundo Yu, *et al.* (2021), mutações são processos comuns e naturais na evolução de um vírus, essa mutação pode ser definida como qualquer outra, como um processo de mudança, e no caso do SARS-CoV-2, pode ser determinada pela sequência genômica. Um exemplo importante de processo de mutação, é da proteína D614G, a qual ocorre uma substituição do aspartato pela glicina na posição 614 da glicoproteína de espícula (S) no SARS-CoV-2, esse processo se caracteriza como processo de replicação viral.

Alguns vírus durante processos de desenvolvimento de mutações, se replicam menos que outros. O conjunto herdado de mutações diferentes é denominado como variante. Se um conjunto de variantes se acumular pode evoluir e gerar uma nova linhagem que pode apresentar-se de forma diferente, seja na fenotipagem, na forma em como atuam ou em outros fatores (Souza, *et al.*, 2020).

Com o passar da pandemia a cepa da SARS-CoV-2 desenvolveu outras variantes, o que pode implicar e comprometer a eficácia das vacinas. A VOI, do inglês, (variants of interest), é uma forma de identificar por meio de marcadores genéticos os tipos de variantes. O SARS-CoV-2 possui várias variantes identificadas, como a B.1.525: variante identificada no Reino Unido e na Nigéria; a B.1.526: Identificada em Nova York; a P.2: identificada no Brasil e outras que também podem ser identificadas por VOI (Bernal, *et al.*, 2021).

Com a pandemia houve a necessidade de adaptação da sociedade em encontrar uma solução contra o vírus seguindo as recomendações da OMS. Silveira, *et al.* (2021), reforça a importância da necessidade de projetos que permitam debates sobre tudo correlacionado ao coronavírus. Debates de casos acompanhados, discussão de dados epidemiológicos, mesa-redonda entre especialistas compartilhando intervenções clínicas específicas, estudos de artigos com relação ao tema, sendo indispensável a relevância de criar estratégias de intervenções contra o vírus. Intervenções não farmacológicas vem sendo aplicadas com o intuito de diminuir a situação epidêmica, uso de máscara, isolamento social, vacina contra o vírus, afim de desacelerar a infectividade do SARS-CoV-2.

5. Considerações Finais

Após a Organização Mundial de Saúde estabelecer estado pandêmico, as autoridades de saúde pública de todo o mundo tomaram medidas protetivas. Estabelecimentos não essenciais foram fechados, afetando as atividades diárias de toda sociedade, mantendo apenas serviços essenciais em funcionamento. Proibição de aglomerações, distanciamento social, uso obrigatório de máscara nas ruas e medidas de higiene individuais foram decretadas. Toda medida de precaução foi divulgada e alertada sobre sua importância, a fim de evitar a transmissibilidade do coronavírus.

Várias vacinas foram desenvolvidas, com finalidade de evitar disseminação do vírus, todas com grande porcentagem de proteção contra o vírus, evitando sinais clínicos graves na maioria dos casos de pessoas contaminadas. Diversos países estão com um grande quantitativo de pessoas vacinadas e permitindo a volta da normalidade da vida, com a não obrigatoriedade do uso de máscaras, volta de eventos com grande quantidade de público. No Brasil, apesar de acontecimentos que influenciaram no atraso da imunização, até os dias de hoje 73,6% da população tomou a primeira dose da vacina e 50% está totalmente imunizado. Em breve, todas as pessoas estarão totalmente imunizadas contra o Novo coronavírus e as variantes da SARS-CoV-2, frisando a importância e necessidade de estudos para compreender melhor o vírus em sua forma, estrutura e possíveis mutações.

Ademais, vários laboratórios no mundo inteiro, tem trabalhado na realização do sequenciamento genômico das cepas do novo coronavírus circulantes em cada país. A realização do sequenciamento, auxiliará o mundo inteiro na compreensão do processo evolutivo do vírus e também na análise do surgimento e desenvolvimento de novas cepas. Essas análises, poderão auxiliar a ciência a desenvolver vacinas cada vez mais eficientes, bem como poderá auxiliar no desenvolvimento de estratégias de proteção e controle da COVID-19.

Referências

- Rios, A. F. M., Lira, L. S. S. P., Reis, I. M., & Silva, G. A. (2020). Atenção Primária à Saúde frente à COVID-19: Relato de experiência de um Centro de Saúde. *Enfermagem em Foco*, 11(1. ESP).
- Lopez Bernal, J., Andrews, N., Gower, C., Gallagher, E., Simmons, R., Thelwall, S., & Ramsay, M. (2021). Effectiveness of Covid-19 vaccines against the B.1.617.2 (Delta) variant. *N Engl J Med*, 585-594.
- Bourgonje, A. R., Abdulle, A. E., Timens, W., Hillebrands, J. L., Navis, G. J., Gordijn, S. J., & van Goor, H. (2020). Angiotensin-converting enzyme 2 (ACE2), SARS-CoV-2 and the pathophysiology of coronavirus disease 2019 (COVID-19). *The Journal of pathology*, 251(3), 228-248.
- Camargo, C. H., Gonçalves, C. R., Pagnoca, E. V. R. G., Campos, K. R., Abbud, A., Bugno, A., & Sacchi, C. T. (2021). Um ano de pandemia da COVID-19: diversidade genética do SARS-CoV-2 no Brasil. *BEPA. Boletim Epidemiológico Paulista*, 18(207), 12-33.
- da Silveira Cespedes, M., & Souza, J. C. SARS-CoV-2: uma revisão para o clínico.
- Duarte, P. M. (2020). COVID-19: Origem do novo coronavírus. *Brazilian Journal of Health Review*, 3(2), 3585-3590.
- Gerhardt, T. E., & Silveira, D. T. (2009). *Métodos de pesquisa*. Plageder.
- Li, Y., Zhou, W., Yang, L., & You, R. (2020). Physiological and pathological regulation of ACE2, the SARS-CoV-2 receptor. *Pharmacological research*, 157, 104833.

- Lima, L. N. G. C., de Sousa, M. S., & Lima, K. V. B. (2020). As descobertas genômicas do SARS-CoV-2 e suas implicações na pandemia de COVID-19. *Journal of Health & Biological Sciences*, 8(1), 1-9.
- LIU, D.; LIANG, J.; FUNG, S., Human Coronavirus-229E, -OC43, -NL63, and -HKU1 (Coronaviridae). In *Encyclopedia Of Virology*, 428-440, 2021. Elsevier.
- das Mercês, D. M., da Silva Abdias, G., Moreira, T. A., Lima, F. L. O., & de Vasconcellos Neto, J. R. T. (2020). Doença de coronavírus 2019 (Covid-19): mecanismos, diagnóstico diferencial e influência das medidas de intervenção. *Research, Society and Development*, 9(8), e921986075-e921986075.
- Nobre, A. F. S., Sousa, R. C. M., Santos, M. C. D., Barbagelata, L. S., Costa Júnior, E., Lima, D. F., & Mello, W. A. D. (2014). Primeira detecção de coronavírus humano associado à infecção respiratória aguda na Região Norte do Brasil.
- Noronha, K. V. M. D. S., Guedes, G. R., Turra, C. M., Andrade, M. V., Botega, L., Nogueira, D., & Ferreira, M. F. (2020). Pandemia por COVID-19 no Brasil: análise da demanda e da oferta de leitos hospitalares e equipamentos de ventilação assistida segundo diferentes cenários. *Cadernos de Saúde Pública*, 36, e00115320.
- Portugal, J. K. A., da Silva Reis, M. H., da Silva Barão, É. J., de Souza, T. T. G., Guimarães, R. S., de Almeida, L. D. S., & da Silva Garrido, M. (2020). Percepção do impacto emocional da equipe de enfermagem diante da pandemia de COVID-19: relato de experiência. *Revista Eletrônica Acervo Saúde*, (46), e3794-e3794.
- Rabha, A. C., Oliveira, F. I. D., Oliveira, T. A. D., Cesar, R. G., Fongaro, G., Mariano, R. F., & Wandalsen, G. F. (2020). Clinical manifestations of children and adolescents with covid-19: report of the first 115 cases from sabará hospital infantil. *Revista Paulista de Pediatria*, 39.
- Silveira, R. P., Costa, J. M. D., França, S. S. D., Pereira, R. D. C. R., Lomonaco, L. A., & Leal, O. D. S. (2021). Projeto de ensino como apoio ao telemonitoramento dos casos de Covid-19. *Revista Brasileira de Educação Médica*, 45.
- Souza, K. S., da Silva, M. R. F., & de Oliveira, M. B. M. (2020). principais mutações genéticas do sars-cov-2 que favorecem sua transmissibilidade. *Revista Multidisciplinar de Educação e Meio Ambiente*, 1(1), 156-156.
- Teles, Â. C. R. C. (2016). Middle east respiratory syndrome: um novo coronavírus.
- Uzunian, A. (2020). Coronavírus SARS-CoV-2 e Covid-19.
- World Health Organization. (2021). 16 March 2021. <<https://www.who.int/westernpacific/emergencies/covid-19>>.
- Yu, F., Lau, T. L. T., Fok, M., Lau, J. Y. N., & Zhang, K. (2021). COVID-19 Delta Variants—Current Status and Implications as of August 2021. *Precision Clinical Medicine*.
- Zanardini, L. K., & Zanardini, M. K. (2021). Coronavírus: uma análise genética comparativa ao SARS. *The Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 25, 101208.