

## SARS-COV-2: UMA ANÁLISE MOLECULAR E EPIDEMIOLÓGICA DO VÍRUS

MACIEL, Flávia Carolina Azevedo<sup>1</sup>

### RESUMO

**Introdução:** O SARS-CoV-2 é uma nova mutação do grupo dos coronavírus, descoberto no final de 2019 em Wuhan - China, causador de uma infecção viral que rapidamente foi capaz de espalhar-se e ocasionar uma pandemia. Atualmente encontram-se identificadas sete variações do vírus que é capaz de infectar humanos: SARS-CoV-2, HKU1, NL63, OC43, 229E, SARS-CoV e MERS-CoV. Através da análise do genoma do SARS-CoV-2 foi identificada uma semelhança de 93% ao BatCoV RaTG13, associado à morcegos levando a concluir que houve uma adaptação do coronavírus do morcego para poder infectar a espécie humana. **Objetivo:** Investigar as características moleculares do vírus SARS-CoV-2, analisar suas ações contra o sistema imunológico e discutir o assunto sob uma perspectiva epidemiológica. **Material e métodos:** Trata-se de uma revisão da literatura com abordagem qualitativa. Foi utilizado como estratégia de busca o Google Acadêmico e Scielo, adotando uma análise crítica e descritiva dos dados. **Resultados:** O SARS-CoV-2 é classificado na família *Coronaviridae*, na subfamília *Coronavirinae*, no gênero *Betacoronavirus*. Nesse contexto, o vírus apresenta um invólucro que contém muitas proteínas dos tipos S (spike), M (membrane) e E (envelope), sendo a glicoproteína S responsável por ligar o vírus à célula humana e iniciar o ciclo. Para que o seu envólucro junte-se à membrana celular, a glicoproteína S sofre uma clivagem na região da união S1/S2 e S2', tornando-se fusogênica ativa. Tal processo é ativado pela transmembrana protease serina 2 (TMPRSS2). Após a subunidade S2 ficar isolada, esta é capaz de fazer a junção do invólucro viral e da membrana celular. Nesse contexto, foram identificadas no SARS-CoV-2 cerca de 14 mutações cumulativas no gene codificante da proteína S, dentre elas a mutação Spike D614G é mais relevante. Acredita-se que pessoas infectadas em diferentes países podem apresentar diferentes grupos ou subtipos de mutações. **Conclusão:** Portanto, para coibir os danos causados pelo SARS-CoV-2 no âmbito da saúde e também socioeconômico, torna-se fundamental intensificar o estudo do genoma do vírus por pesquisadores de diferentes instituições, visto que apenas uma vacina poderá não ter efeito para todos as cepas do vírus, para isso o investimento financeiro e tecnológico é fundamental para subsidiar as pesquisas.

**Palavras-chave:** Coronavírus; COVID-19; Epidemiologia; Estrutura Molecular; SARS-CoV-2.

<sup>1</sup> Pós-graduanda no curso de Microbiologia da Faculdade de Ciências da Bahia, Salvador.  
E-mail [flaviaazevedomaciel@gmail.com](mailto:flaviaazevedomaciel@gmail.com)