

## INTRODUÇÃO

Coronavírus é um RNA vírus, zoonótico da ordem Nidovirales, da família Coronaviridae<sup>1</sup>. Esta é uma família de vírus que causam infecções respiratórias, os quais foram isolados pela primeira vez em 1937 e descritos como tal em 1965, em decorrência do seu perfil na microscopia parecendo uma coroa<sup>2</sup>. O novo Coronavírus (SAR-COV-2) é um vírus identificado como a causa de um surto de doença respiratória detectado pela primeira vez em Wuhan, China<sup>2</sup>. O número de casos aumentou consideravelmente nos meses subsequentes e a Organização Mundial da Saúde (OMS) declarou no dia 11 de março de 2020 a pandemia de COVID-19. Os coronavírus causam infecções respiratórias e intestinais em humanos e animais; sendo que a maioria das infecções por coronavírus em humanos são causadas por espécies de baixa patogenicidade, levando ao desenvolvimento de sintomas do resfriado comum, no entanto, podem eventualmente levar a infecções graves em grupos de risco, idosos e crianças. As mutações observadas são resultantes da constante interação do vírus com o genoma humano devido a adaptação contínua<sup>4</sup>. Essas mutações, quando selecionadas originam novas variantes que a OMS padronizou nomear como letra do alfabeto grego

## PROBLEMA

Será que a exposição anterior da população brasileira à variante Gama, pode ter cursado para uma evolução diferente da variante Delta no Brasil? Existe semelhança moleculares entre as duas?

## HIPÓTESE

Acreditamos que semelhanças moleculares entre as duas variantes do Coronavírus (Gama e Delta) possam explicar o diferente impacto da variante no Brasil até a semana epidemiológica 37.

## OBJETIVO

Avaliar as mutações presentes em linhagens do Coronavírus desde a original da China. Estabelecer relações entre vantagens seletivas entre as linhagens Gama e Delta e o motivo do menor impacto da Delta no Brasil do que em outros países até a semana epidemiológica 37.

## METODOLOGIA

Foi realizado um estudo observacional, retrospectivo de caráter transversal no qual foram analisados os sequenciamentos do genoma completo do vírus SARSCoV-2 no banco de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI) - <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>(Figura 4). Para tanto foi utilizado o termo “sars-cov-2seqs” para a pesquisa de sequenciamentos disponíveis. A seguir, foi realizada uma correlação entre o aumento de casos, mortes e internações a partir da detecção da casos de novas variantes nos países: Índia, Israel, Reino Unido, Estados Unidos e Brasil, a partir de dados da saúde públicos desses países. Foi realizado também a comparação do impacto da variante Gama e Delta no Brasil a partir da confirmação do primeiro caso confirmado.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO



Figura 1. Sítio de mutações das variantes do Sars-Cov-2. FONTE: NCBI

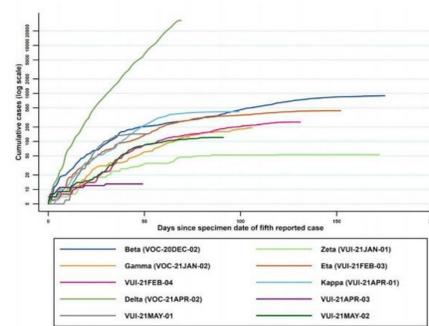


Figura 2. Aumento exponencial dos casos da variante Delta após primeira confirmação. Fonte: OMS



Figura 3. Mortes e casos de COVID - BRASIL. Fonte: Ministério da Saúde

## CONCLUSÃO

A partir dos nossos estudos podemos concluir que:

- As análises moleculares de mutações das variantes do Sars-Cov-2 sugerem que as mutações entre as variantes podem ter relação com a seleção natural convergente;
- A anterior exposição da população brasileira à variante Gama pode ter reduzido o impacto do número de casos da variante Delta no nosso país. Entre os motivos para essa observação estão a semelhança genética entre as variantes, uma possível seleção natural convergente, maior imunidade pela variante Gama e fatores ambientais.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Brasil. Ministério da Saúde. Protocolo de manejo clínico para o novo coronavírus (2019-nCoV). [cited 2020 Feb 12]. Available from: <https://portal.arquivos.saude.gov.br/images/data/2020/fev/11/protocolo-manejo-coronavirus.pdf>
2. Brasil. Ministério da Saúde. Coronavírus: o que você precisa saber e como prevenir o contágio. [cited 2020 Feb 18]. Available from: <https://saude.gov.br/saude-de-a-z/coronavirus>
3. MORAIS, Victor Nepomuceno et al. Doença pelo coronavírus 2019: Uma revisão sistemática. *Desafios-Revista Interdisciplinar Da Universidade Federal Do Tocantins*, v. 8, n. 1, p. 1-17, 2021.
4. BATISTA, Caio Teles et al. Evolução Genômica do 2019-nCoV: Revisão Sistemática da Literatura. *Revista de Saúde-RSF*, v. 7, n. 2, 2020.
4. UZUNIAN, Armênio. Coronavírus SARS-CoV-2 e Covid-19. 2020.