

AVALIAÇÃO DAS VARIANTES DO VÍRUS SARS-COV-2 CIRCULANTES NO BRASIL DURANTE A PANDEMIA DA COVID-19

Ana Clara de Oliveira Viana (IC), Carolyny Sodr  de Oliveira (IC), Cec lia Maria Mendes Leite (IC), Mariana Magalh es N brega (PQ), Fernando Campos de Assis Fonseca (PQ)

PIBIC-EM/PIBIC/PIBITI
C mpus  guas Lindas
fernando.fonseca@ifg.edu.br

Palavras Chave: Muta es; Transmiss o; Pandemia; Sequenciamento; Epidemiologia.

Introdu o

A descoberta do novo coronav rus SARS-CoV-2, causador da COVID-19, deixou o mundo assustado quanto   sua capacidade de transmiss o e taxas de mortalidade. As elevadas taxas de infec o observadas em diversos pa ses, incluindo o Brasil, t m permitido que o material gen tico do v rus sofra muta es, dando origem a novas variantes. A identifica o dessas variantes, associadas ao estudo da patogenicidade permitem o desenvolvimento de vacinas, f rmacos e que o sistema de sa de p blica possa prever novos surtos, se preparando para eventual necessidade de aumentar n mero de leitos de UTI, adquirir equipamentos e novos medicamentos, assim como de planejar medidas sanit rias complementares. As informa es obtidas por este estudo ressaltam a a o da vacina o em massa, mostrando a diminui o dos novos casos e  bitos associados ao aumento da cobertura vacinal.

Metodologia

O presente estudo   uma pesquisa bibliogr fica do tipo integrativa das variantes de SARS-CoV-2 e estudou a evolu o das muta es surgidas e as correlacionou com o seu grau de patogenicidade.

Resultados e Discuss o

Foram selecionados 10 artigos que discutem diversos aspectos, como o sequenciamento gen tico e epidemiologia. De uma forma geral os estudos mostram que a primeira linhagem observada no Brasil foi a B.1.1.28 (Gamma), da qual surgiram as linhagens P.1 (Gamma) e P.2 (Zeta) e, com a continua o das infec es e do ac mulo de muta es, acredita-se que existem hoje cerca de 240 variantes circulando no pa s, incluindo as variantes Alpha, Beta, Gamma, Delta e Omicron (figura 1). A maioria dessas muta es aconteceram no gene da prote na S, utilizada pelo v rus para se ligar   c lula hospedeira, o que pode estar relacionado com a maior taxa de transmissibilidade do v rus. Ap s a chegada da variante Omicron no pa s, houve uma explos o de casos e esta rapidamente substituiu todas as outras variantes (figura 2).

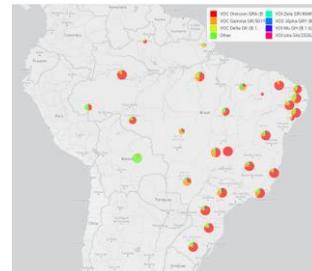


Figura 1. Distribui o das variantes de SARS-CoV-2 nas cinco regi es brasileiras.

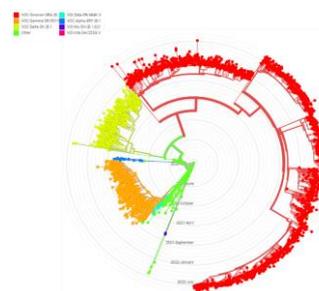


Figura 2. Rela es filogen ticas das variantes de SARS-CoV-2 no Brasil ao longo do per odo da pandemia.

Conclus es

Devido aos elevados  ndices de contamina o, associados   baixa cobertura vacinal, o Brasil foi ber o de novas variantes, al m disso a chegada de variantes de outros pa ses acelerou a distribui o do v rus por todo o pa s, resultando em um dos maiores  ndices de mortalidade mundial.

Agradecimentos

Agradecemos ao IFG por fornecer a estrutura e pelo apoio financeiro.

JANIK, E. et al. The Emerging Concern and Interest SARS-CoV-2 Variants. *Pathogens*, v. 10, n. 6, p. 633, 21 maio 2021.

PEGADO, R.; SILVA-FILHO, E.; LIMA, I.; GUALDI, L. Coronavirus disease 2019 (COVID-19) in Brasil: information to physical therapists. *Rev Assoc Med Bras* (1992), 66, n. 4, p. 498-501, Apr 2020.