



Circuito Regional

*Ciência, Tecnologia e Inovação para
o Desenvolvimento Sustentável*

SARS-COV 2, UMA REVISÃO SOBRE COVID-19

DA ROSA, Danieli C. G.¹; BERTIPAGLIA, Fabio J. G.²; BERTIPAGLIA, Tássia S.²

1. Discente do Curso de Medicina Veterinária, Universidade do Oeste de Santa Catarina (Unoesc); 2. Docente do Curso de Medicina Veterinária, Universidade do Oeste de Santa Catarina (Unoesc).

Área: Ciências da Vida e Saúde

Introdução: No ano de 2019, foi relatado um surto de pneumonia em chineses com hábito de ingerir morcegos na alimentação, e foi diagnosticada a presença de um novo coronavírus, associado com a síndrome respiratória aguda grave (SARS), designado como SARS-CoV-2. No início de 2021 já haviam sido confirmados mais de 115 milhões de casos de COVID-19 com dois milhões de óbitos no mundo, o que caracterizou desde então uma das maiores pandemias da história da humanidade. O coronavírus possui diversos hospedeiros como cães, gatos, humanos e morcegos. O acometimento de outras espécies permite que o vírus possa evoluir de modo mais agressivo e acometer os humanos com maior gravidade. **Objetivo:** O objetivo foi realizar uma revisão bibliográfica sobre o SARS-COV 2. **Método:** Foram utilizadas as principais plataformas de pesquisa acadêmica, com os buscadores "SARS-COV 2", "Covid-19" e "SRSS". Nos filtro, pelo menos um buscador deveria estar contido no artigo científico. **Resultados:** O Coronavírus pertence à família Coronaviridae, subgênero Sarbecovírus e gênero Betacoronavírus. São vírus RNA envelopados de cadeia simples e polaridade positiva, sendo responsáveis por doenças respiratórias e digestivas de animais e humanos. O RNA genômico pode ter de 27 a 32 kb nucleotídeos, sendo o maior genoma entre os vírus RNA. Esse vírus possui um mecanismo de replicação que inclui a produção de RNAs mensageiros (mRNA) subgenômicos. Esse mecanismo proporciona ao vírus alta frequência de recombinação, levando a uma grande variação antigênica. O SARS-COV 2 contém por cinco genes que são responsáveis pela informação genética de suas 20 proteínas, sendo quatro proteínas estruturais (spike, membrana, nucleocapsídeo e envelope). Os coronavírus são divididos em quatro gêneros diferentes de acordo com suas características genéticas, sendo alfa e beta (geralmente associados com infecção de mamíferos), gama e delta (geralmente infectando aves e peixes), e são a família viral que mais causa problemas sanitários para pecuária e animais de companhia. No entanto, o SARS-COV 2 pertence ao gênero Betacoronavírus, no qual fazem parte o SARS-COV e o MERS-COV, os quais causaram surtos em 2002 e 2012, respectivamente. As evidências encontradas nos trabalhos sobre SARS e MERS ainda indicaram a possibilidade de participação de outras espécies animais na transmissão do vírion, como ratos, camelos, pangolin, furões e macacos. O SARS-COV



Circuito Regional

*Ciência, Tecnologia e Inovação para
o Desenvolvimento Sustentável*

2 utiliza os receptores ECA 2 para adentrar as células, utilizando ainda o TMPRSS2 (Protease transmembrana serina II) e furina, as quais clivam a glicoproteína Spike, permite a ligação com os receptores ECA 2 e a exposição do fator de fusão e a entrada das partículas virais pelos poros celulares. **Conclusão:** A revisão foi desenvolvida com artigos sólidos e de revistas criteriosas e importantes. O SARS-COV 2 é vírus de RNA muito importante para a saúde pública.

Palavras-chave: Coronavírus; Spike; Vírus de RNA.

Contato: danielicgr@gmail.com

Agradecimentos: A autora Danieli agradece ao Programa de Bolsas Universitárias do Estado de Santa Catarina (UNIEDU) pela concessão de bolsa de iniciação científica.