



PRINCIPAIS MUTAÇÕES GENÉTICAS DO SARS-CoV-2 QUE FAVORECEM SUA TRANSMISSIBILIDADE

SOUZA, Karolayne Silva¹; SILVA, Milena Roberta Freire da²; OLIVEIRA, Maria Betânia Melo de³

RESUMO

Introdução: O SARS-CoV-2 (Síndrome respiratória aguda grave coronavírus 2), é um tipo de vírus pertencente à família *Coronaviridae*, sendo este o causador da doença COVID-19. Em 2019, o SARS-CoV-2 foi responsável pelo adoecimento de indivíduos, que levou a milhares de hospitalizações e óbitos, progredindo aos dias atuais à ocorrência de uma pandemia. **Objetivo:** 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. **Material e métodos:** Realizou-se uma revisão integrativa nas principais bases eletrônicas: PUBMED, NATURE e THE LANCET, com a utilização de descritores e operadores booleanos: “SARS-CoV-2” OR “COVID-19” AND “ORIGIN”. Encontrou-se uma totalidade de 32 artigos no período de 2019-2020, incluindo-se apenas 5 artigos para estudo após a adoção de filtros e critérios de exclusão. **Resultados:** 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. **Conclusão:** Considerando o cenário atual mundial, estudos tem sido realizado afim de estabelecer as bases genéticas de mutações do SARS-CoV-2, para a produção de vacinas e uma terapêutica medicamentosa eficaz para o tratamento de pacientes, principalmente à população de risco (idosos, doentes crônicos), dos quais, são os principais indivíduos que elevam o número de hospitalizações em Unidade de Terapia Intensiva (UTI) e os óbitos. Assim, a compreensão e ações estratégicas como essa, podem auxiliar na contenção do cenário pandêmico atual.

Palavras-chave: COVID-19; Mutação; Síndrome respiratória aguda grave coronavírus 2.

1 Universidade Federal de Pernambuco, Recife. E-mail: karolayne7@hotmail.com

2 Universidade Federal de Pernambuco, Recife. E-mail: milena.freire@hotmail.com

3 Universidade Federal de Pernambuco, Recife. E-mail: mbetaniam2008@gmail.com