

## ANÁLISE FILOGENÉTICA DO SARS-CoV-2 E SUAS CEPAS ENCONTRADAS PELO MUNDO: UMA REVISÃO LITERÁRIA.

SILVA, Tainara Maria de Moraes<sup>1</sup>; FRANCO, Vitória Maria de Freitas<sup>2</sup>;  
MAGALHÃES, Carla Brígida Texeira<sup>3</sup>; MESQUITA, Dara da Silva<sup>4</sup>; JÚNIOR, José  
Eduardo Ribeiro Honório<sup>5</sup>

### RESUMO

**Introdução:** O surgimento do *severe acute respiratory syndrome coronavirus 2* (SARS-CoV-2), causador da doença COVID-19, gerou grande impacto tanto na saúde pública como na economia mundial. Esse vírus é membro da família *Coronaviridae*, envelopado e contém RNA como material genético, com tamanho cerca de 30 kb. Estudos observaram uma alta taxa mutacional que pode estar correlacionada com a modulação da virulência e a evolução do vírus, auxiliando na sua adaptação. **Objetivo:** Análise das cepas filogenética do SARS-CoV-2 através de uma revisão literária para obter conhecimento genômico e da disseminação de COVID-19 pelo mundo. **Material e métodos:** Foram realizadas pesquisas nas bases de dados SciELO, PUBMED e Lilacs, com os seguintes descritores: “*strains*”, “SARS-CoV-2” e “*genome*”. Não foram utilizados filtros e foram selecionados apenas artigos relacionados com o nosso objetivo. **Resultado:** Nos estudos analisados foram detectados mais de 1500 tipos de mutações em todo conjunto de genomas das cepas de SARS-COV-2, do qual somente na região de proteínas estruturais (Spike, envelope, membrana e nucleocapsídeo) houveram 382 mutações, que são alvos importantes para o desenvolvimento de vacinas devido constituírem a maioria dos epítomos de células B e T. Além disso, foi observado variações de nucleotídeos em regiões de quadro de leitura aberto, especialmente em regiões não traduzidas (5'-UTR e 3'-UTR) e mutações em regiões espaçadoras. Foi observado em estudos que algumas deleções identificadas em ORF7a e ORF8, localizados na região 3', alteram proteínas relacionadas à patogenia, a modulação do sistema imune e infectividade do vírus. **Conclusão:** As diferentes cepas do SARS-CoV-2 alteram sua patogenicidade e virulência, sendo necessários mais estudos a fim de elucidar os seus mecanismos para melhor compreensão e o desenvolvimento de métodos terapêuticos.

**Palavras-chave:** Cepas, covid-19, filogenética, mutação, SARS-CoV-2.

<sup>1</sup> Centro Universitário Christus, Fortaleza, Ceará. E-mail. biomedicina@unichristus.edu.br

<sup>2</sup> Centro Universitário Christus, Fortaleza, Ceará. E-mail. biomedicina@unichristus.edu.br

<sup>3</sup> Centro Universitário Christus, Fortaleza, Ceará. E-mail. biomedicina@unichristus.edu.br

<sup>4</sup> Centro Universitário Christus, Fortaleza, Ceará. E-mail. biomedicina@unichristus.edu.br