

## SARS-CoV-2: taxonomia, origem e constituição

### *SARS-CoV-2: taxonomy, origin and constitution*

Omar Arafat Kdudsi Khalil<sup>1</sup>, Sara da Silva Khalil<sup>2</sup>

Khalil OAK, Khalil SS. SARS-CoV-2: Taxonomia, Origem e Constituição / *SARS-CoV-2: taxonomy, origin and constitution*. Rev Med (São Paulo). 2020 set.-out.;99(5):473-9.

**RESUMO:** *Introdução:* O SARS-CoV-2 é um novo coronavírus, responsável pela atual pandemia de COVID-19, o qual já infectou e causou a morte de milhares de pessoas em todo o mundo. *Objetivo:* Descrever aspectos básicos e fundamentais sobre o SARS-CoV-2, como nome, constituição, possíveis origens e classificação. *Método:* Revisão bibliográfica exploratória e descritiva, elaborada por meio de pesquisas nas plataformas PubMed, Scopus, Google Acadêmico, e SciELO. Os termos utilizados para a seleção dos materiais foram: “SARS-CoV-2”, “COVID-19”, “spike-protein”, “classification”, “coronavirus” e suas combinações. *Resultados:* Os coronavírus pertencem à família *Coronaviridae*, a qual abrange 2 subfamílias, 5 gêneros, 26 subgêneros e 46 espécies de vírus. O SARS-CoV-2 pertence ao gênero *Betacoronavirus*, subgênero *Sarbecovirus*, espécie *Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus*, e está relacionado à síndrome respiratória aguda. Sua classificação foi realizada pelo *International Committee on Taxonomy of Viruses* (ICTV) levando-se em consideração principalmente características moleculares e filogenéticas e não a doença que causa. Este vírus surgiu na China, país em que há o hábito de consumir animais domésticos ou selvagens recentemente abatidos. Especula-se que o morcego-ferradura (*Rhinolophus sinicus*) seja o seu hospedeiro primário e que o pangolim malaio (*Manis javanica*) o hospedeiro intermediário. O SARS-CoV-2 é um vírus envelopado, aproximadamente esférico, e os seus vírions têm diâmetros médios de 80 a 120 nm. Possui genoma de RNA não segmentado, fita simples, codificando quatro proteínas principais: glicoproteína espicular (S), proteína do envelope (E), glicoproteína da membrana (M) e proteína do nucleocapsídeo (N). Os coronavírus utilizam a S como principal alvo para neutralizar anticorpos e para se ligar ao receptor enzima conversora de angiotensina 2. *Conclusão:* O conhecimento aprofundado sobre as características básicas do SARS-CoV-2 é fundamental para a melhor compreensão e entendimento dos aspectos epidemiológicos, clínicos, fisiopatológicos e para o tratamento da COVID-19.

**Descritores:** SARS-CoV-2; Coronavírus; Classificação; Estrutura viral; Origem.

**ABSTRACT:** *Introduction:* SARS-CoV-2 is a new coronavirus, responsible for the current pandemic of COVID-19, which has already infected and caused the death of thousands of people around the world. *Objective:* To describe basic and fundamental aspects of SARS-CoV-2, such as its name, constitution, possible origins and classification. *Method:* Exploratory and descriptive bibliographic review, elaborated through researches on the Pubmed, Scopus, Google Scholar, and Scielo platforms. The terms used for the selection of materials were “SARS-CoV-2” “COVID-19”, “spike-protein”, “classification”, “coronavirus” and their combinations. *Results:* Coronaviruses belong to the *Coronaviridae* family, which comprises two subfamilies, five genera, 26 subgenera and 46 virus species. SARS-CoV-2 belongs to the genus *Betacoronavirus*, subgenus *Sarbecovirus*, a coronavirus species related to the acute respiratory syndrome. Its classification, carried out by the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV), was made in the light of mainly molecular and phylogenetic characteristics and not the actual disease it causes. This virus appeared in China, where people have the habit of consuming recently slaughtered domestic or wild animals. It is speculated that the horseshoe bat (*Rhinolophus sinicus*) is its primary host and that the Malayan pangolin (*Manis javanica*) is the secondary host. SARS-CoV-2 is an enveloped virus, approximately spherical and its virions have average diameters of 80-120 nm. It has a non-segmented RNA large size genome which encodes four main proteins spike (S), envelope (E), membrane (M) and nucleoprotein (N). Coronaviruses use S as the main target to neutralize antibodies and to bind to the angiotensin-converting enzyme 2. *Conclusion:* In-depth knowledge of the basic characteristics of SARS-CoV-2 is essential for better comprehension and understanding of epidemiological aspects, clinical, pathophysiological and treatment of COVID-19.

**Keywords:** SARS-CoV-2; Coronavirus; Classification; Viral structure; Origin.

Trabalho foi realizado: Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Paraná (IFPR) Campus Londrina.

1. Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Paraná (IFPR) Campus Londrina. Londrina, PR. Professor, Doutor em Biotecnologia pela Universidade Estadual Paulista (UNESP). ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-4868-2026>. E-mail: [guarabe@yahoo.com.br](mailto:guarabe@yahoo.com.br).

2. Enfermeira, Mestra em Enfermagem pela Universidade de Brasília (UnB). ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0003-0072-2903>. E-mail: [dasilva.saraa@gmail.com](mailto:dasilva.saraa@gmail.com).

**Endereço para correspondência:** R. João XXIII, 600 - Judith, Londrina, PR. CEP: 86060-370. E-mail: [guarabe@yahoo.com.br](mailto:guarabe@yahoo.com.br).

## INTRODUÇÃO

Vírus e doenças virais têm ocupado destaque na agricultura, na medicina e na ciência por milênios e alguns dos maiores desafios e triunfos da humanidade envolveram virologia<sup>1</sup>.

As doenças infecciosas afligem a humanidade desde os primórdios da civilização. A preocupação deve ser direcionada com o futuro e não com o passado<sup>2</sup>. Porém, o surto de COVID-19, causado pelo vírus zoonótico SARS-CoV-2, é, no presente, a maior apreensão global, e uma das jamais vistas na história da humanidade.

As zoonoses são infecções naturalmente transmitidas entre animais vertebrados e o homem, causadas pela exposição entre ambos e limitadas a agentes que podem se replicar no hospedeiro animal. Esta definição é válida mesmo quando o agente tem a capacidade de se espalhar dentro das populações humanas sem exposição a animais, como exemplificado para o coronavírus da síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV), para o coronavírus da síndrome respiratória do Oriente Médio (MERS-CoV)<sup>3</sup> e para o SARS-CoV-2.

Um número significativo de doenças que atualmente afetam os seres humanos se originou em ciclos silváticos, e passou deste ponto devido à capacidade dos vírus sofrerem mutações rápidas e se adaptarem a novas espécies, especialmente no caso dos vírus de RNA. Nas zoonoses, uma associação espacial e física estreita de espécies selvagens ou domesticadas cria o cenário para os vírus atravessarem a barreira das espécies, resultando em doenças emergentes. Os seres humanos tiveram um papel importante em zoonoses emergentes ao longo dos séculos, com atividades como agricultura, desmatamento e urbanização<sup>4</sup>. O estudo de como os vírus zoonóticos se tornam patógenos humanos é um dos principais focos da virologia do século XXI<sup>1</sup>.

O surto da síndrome respiratória aguda grave (SARS) em 2003, doença causada por um coronavírus identificado como coronavírus da síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV, sigla do inglês *Severe Acute Respiratory Syndrome CoronaVirus*), surpreendeu o mundo ao se espalhar rapidamente entre os continentes, resultando em mais de 8.000 infecções, com aproximadamente 10 % de mortalidade e um efeito devastador nas economias de vários países, configurando-se como a primeira pandemia do século XXI<sup>5</sup>. Já a COVID-19, declarada como pandemia em 11 de março de 2020 pela Organização Mundial da Saúde<sup>6</sup>, contabilizava cerca de 100.000 mortes um mês após o anúncio desta instituição<sup>7</sup>. Esta doença causou 10 vezes mais casos do que a SARS em um quarto do tempo<sup>8</sup>.

Os coronavírus já identificados podem ser apenas a ponta do iceberg, com eventos zoonóticos potencialmente mais novos e graves a serem revelados<sup>9</sup>.

Mesmo no meio acadêmico, há ainda muita dificuldade para a compreensão de aspectos básicos sobre

o SARS-CoV-2, visto que a produção científica sobre este vírus é recente e predominantemente em língua estrangeira. Desta forma, este artigo objetiva tratar sobre os aspectos básicos do vírus, como seu nome, taxonomia, origem e constituição.

## MÉTODO

Trata-se de um estudo exploratório e narrativo sobre aspectos básicos do SARS-CoV-2, tipo revisão de literatura. A pesquisa foi realizada nas bases de dados PubMed, Scopus, Google Acadêmico, e SciELO, com foco na obtenção e análise de artigos publicados em 2019 e 2020. Os termos utilizados para a seleção foram: “SARS-CoV-2” combinado com os termos “COVID-19”, “spike-protein”, “classification”, “coronavirus”.

Os termos foram definidos pelo *Medical Subject Headings* (MeSH). A obtenção dos materiais foi realizada entre 01 de abril de 2020 e 30 de abril de 2020. Foram obtidos e analisados estudos originais e de revisão, principalmente em inglês, espanhol e português, nos quais título, resumo e tópicos se alinhassem com os termos de interesse. Os conteúdos de interesse foram descritos de acordo com a relevância na contribuição ao objetivo do trabalho.

## Origem: China

Os dois grandes surtos de doenças infecciosas causadas por coronavírus de morcegos (a SARS e a COVID-19) surgiram na China. Os fatores que contribuíram com o surgimento destas doenças neste país foram: (1) o vasto território associado à diversidade climática contribuem para sua grande biodiversidade, incluindo a de morcegos e vírus. A maioria dos coronavírus pode ser encontrada na China e mais de 50% das espécies de coronavírus identificados (22/38) foi nomeada por cientistas chineses que estudavam morcegos locais ou outros mamíferos; (2) neste país, a maioria dos morcegos hospedeiros de coronavírus vive próximo a humanos, com potencial para transmitir vírus a humanos e gado; (3) a cultura alimentar chinesa sustenta que os animais vivos recentemente abatidos são mais nutritivos, e essa crença pode aumentar a transmissão viral<sup>10</sup>. Este último fator já havia sido apontado há mais de uma década como um forte alerta: a associação entre os reservatórios do vírus do tipo SARS-CoV em morcegos-ferradura e a cultura de se alimentar de mamíferos exóticos no sul da China era uma bomba-relógio para o ressurgimento da SARS e outros novos vírus de animais ou laboratórios<sup>11</sup>.

## Origem: morcego-ferradura (*Rhinolophus sinicus*)

Transbordamento é o termo derivado de “spillover” (“host transfer” ou “host switching”), que designa o

processo no qual ocorre a passagem de um agente patógeno naturalmente infectante de uma população animal infectada para uma espécie de hospedeiro anteriormente não afetada por este, como a espécie humana. A persistência ou não da infecção, quer em caráter endêmico ou epidêmico, dependerá da facilidade para a transmissão inter-humana do patógeno emergente, em grande parte determinada pelas características genéticas e fisiológicas do patógeno emergente e do novo hospedeiro<sup>12</sup>.

Coronavírus (CoVs) são vírus zoonóticos com habilidade para infectar uma diversidade de animais (domésticos ou não) e humanos. Essa propriedade inespecífica que os CoVs possuem pode ser devida a genes acessórios, que se acredita terem um papel no tropismo do hospedeiro e na adaptação a um novo hospedeiro. A glicoproteína viral S parece ser o principal determinante para o sucesso dos eventos iniciais de infecção entre as espécies<sup>13</sup>, enquanto a enzima conversora de angiotensina 2 (ACE2) é conhecida como um receptor humano para esta proteína espicular viral, o que facilita sua transmissão entre espécies<sup>14</sup>.

Entre os animais, os morcegos são o grupo de mamíferos que abrigam o maior número de CoVs. Muitos outros CoVs de animais são ancestrais de CoVs de morcegos<sup>15</sup>.

Os animais domésticos ou domesticados desempenham papel importante como hospedeiros intermediários que possibilitam a transmissão do vírus dos hospedeiros naturais para os humanos. Em relação ao SARS-CoV, os morcegos devem ser os hospedeiros naturais do vírus, e as civetas (*Paguma larvata*), os hospedeiros intermediários, enquanto, para a MERS-Cov, os dromedários foram os hospedeiros intermediários<sup>16</sup>. Nas epidemias de coronavírus provocadas pelo SARS-CoV e pelo MERS-CoV, os vírus provavelmente se originaram de morcegos-ferradura (*Rhinolophus sinicus*) e depois saltaram para outro mamífero hospedeiro de amplificação, como a civeta da palmeira mascarada (*Paguma larvata*) na SARS e o dromedário (*Camelus dromedarius*) na MERS, antes de cruzar a barreira de espécies para infectar seres humanos. Baseando-se na análise das sequências genômicas de 339 espécies de vírus relacionados ao SARS-CoV, sugere-se que o SARS-CoV-2 também possa ter se originado de morcegos, entretanto não é possível determinar se outro hospedeiro animal intermediário ou de amplificação infectado por este vírus estaria relacionado à COVID-19<sup>17</sup>.

Embora seja possível que o SARS-CoV-2 tenha alcançado seu *spillover* em humanos por meio de um hospedeiro intermediário, poucos vírus semelhantes a este têm sido descritos em mamíferos que não os morcegos e humanos. Os vírus claramente relacionados ao SARS-CoV-2 ainda são pouco amostrados em mamíferos (mesmo em morcegos) para chegar a uma conclusão. A identificação de dois grupos virais distintos em pangolins (*Manis*

sp.) indica que os vírus relacionados ao SARS-CoV-2 podem estar mais amplamente distribuídos em mamíferos selvagens do que o esperado<sup>18</sup>.

A alta semelhança entre os domínios de ligação ao receptor (RBD) de CoVs de pangolim de Guangdong e do SARS-CoV-2 suscita a preocupação de que esses vírus possam ser facilmente transmitidos às populações humanas. São necessárias mais pesquisas para explorar a patogenicidade e a diversidade de CoVs em pangolins. No entanto, devido ao seu status de perigo e ao risco de causar futuros surtos de CoV, a caça, o manuseio e o tráfico de pangolins devem ser estritamente proibidos. Uma vigilância adicional dos vírus relacionados ao SARS-CoV-2 em mamíferos pode ajudar a esclarecer a origem do SARS-CoV-2<sup>18</sup>.

Há evidências para se apontar o pangolim-malaio (*Manis javanica*) como provável origem do SARS-CoV-2, responsável pelo surto de COVID-19. Por meio da análise de amostras pulmonares de dois pangolins-malaios mortos que apresentavam um líquido espumante nos pulmões e fibrose pulmonar, em época próxima ao surto de COVID-19, foi identificado um coronavírus denominado Pangolin-CoV, com potencial parentesco do SARS-CoV-2 (91,02% de semelhança genômica e 90,55% de semelhança genômica com o BatCoV RATG13, um CoV de morcegos), sendo o coronavírus mais intimamente relacionado ao SARS-CoV-2 já descrito. Considerando a ampla disseminação de SARS-CoVs em reservatórios naturais, como morcegos, camelos e pangolins, esta descoberta é significativa para as tentativas de se bloquear a transmissão viral interespecíes<sup>19</sup>.

A estreita relação filogenética com o BatCoV RaTG13 fornece evidências de que o SARS-CoV-2 pode ter se originado em morcegos<sup>20</sup>. Desta forma, semelhante ao ocorrido em 2002<sup>21</sup>, as civetas podem ser os hospedeiros intermediários da transmissão de SARS-CoV para humanos.

## Nome do vírus

A nomeação de um novo vírus é importante não apenas para os virologistas a longo prazo, mas também para uma comunicação eficaz ao público em geral. Em todos os principais casos de vírus zoonóticos emergentes nos últimos 25 anos, a nomeação do novo vírus não foi direta e a maioria passou por um processo de renomeação<sup>22</sup>.

O nome dos vírus não está necessariamente ligado a uma doença, mas sim a outras características, como sua filogenia. Há uma vasta quantidade de vírus cujas características fenotípicas não são conhecidas, o que torna a sequência de seus genomas como a única característica precisa conhecida para a grande maioria dos vírus e que pode ser utilizada para definir vírus específicos. Baseado nisso, o Grupo de Estudos sobre *Coronaviridae* (CSG) do Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus (ICTV), responsável pela classificação de vírus e nomenclatura

de táxons da família *Coronaviridae*, designou o vírus responsável pelo surto da doença COVID-19 como SARS-CoV-2<sup>23</sup>.

O termo “corona” deriva da organização estrutural de glicoproteínas ao redor do vírus, a qual lembra uma coroa<sup>13</sup>.

Embora o CGS tenha alegado que não pretendia fazer qualquer referência à doença SARS, aponta-se que a denominação do vírus como SARS-CoV-2 não foi adequada, pois SARS é um nome de doença, e nomeá-lo desta forma implica que o vírus causa SARS ou doença similar, especialmente para cientistas sem muito conhecimento de virologia e para a população leiga. Além do mais, este nome do vírus não é consistente com a doença denominada COVID-19. Com base em características clínicas, virológicas e epidemiológicas e com as incertezas a respeito deste novo coronavírus, para evitar enganos e confusão, e para ajudar cientistas e o público com melhor comunicação, um grupo de virologistas da China sugeriu renomear SARS-CoV-2 como coronavírus humano 2019 (HCoV-19), que distingue o vírus do SARS-CoV e mantém consistência com o nome dado pela OMS, COVID-19, doença que causa<sup>24</sup>. Por outro lado, ainda é possível encontrar a designação 2019-nCoV como descritora deste vírus<sup>25</sup>.

A alegação da OMS para não utilizar o termo SARS e nomear como COVID-19 o surto provocado pelo novo coronavírus em 2020 é a de evitar criar medo desnecessário para algumas populações, especialmente na Ásia, que foi mais afetada pelo surto de SARS em 2003<sup>26</sup>.

Em relação ao nome da doença, a COVID-19 (abreviação de “doença de coronavírus 2019”) é a denominação de uma doença viral que seguiu as melhores práticas da Organização Mundial da Saúde (OMS) para nomear novas doenças infecciosas humanas, desenvolvidas em consulta e colaboração com a Organização Mundial para a Saúde Animal (OIE) e a Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO)<sup>27</sup>.

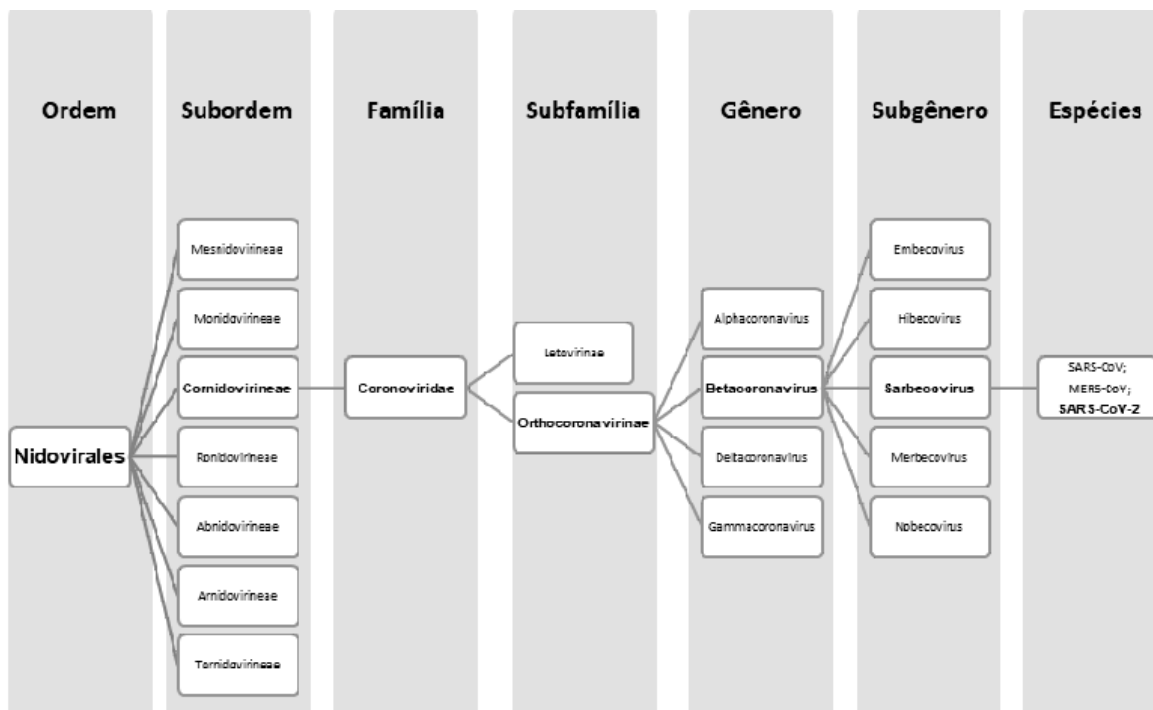
### Taxonomia do Vírus

Ignorar a taxonomia adequada é ignorar a história; é também ignorar as semelhanças e diferenças entre os seres vivos, bem como as ideias evolucionistas de classificação<sup>28</sup>.

Filogeneticamente, a família *Coronaviridae* pertence a ordem *Nidovirales*, grupo IV, com RNAss orientado em uma direção positiva<sup>13</sup> e abrange 2 subfamílias, 5 gêneros, 26 subgêneros e 46 espécies de vírus<sup>29</sup>.

Os coronavírus pertencem ao gênero *Betacoronavirus*, subgênero *Sarbecovirus*. SARS-CoV-2 é a designação do vírus que pertence à espécie coronavírus relacionado à síndrome respiratória aguda, abreviado como SARSr-CoV<sup>29</sup>. O SARS-CoV-2 é o sétimo coronavírus humano descrito, que também agrupa o SARS-CoV e o MERS-CoV<sup>30</sup>. A Figura 1 demonstra a taxonomia deste vírus.

Os gêneros *Alphacoronavirus* e *Betacoronavirus* infectam somente mamíferos, enquanto *Gammacoronavirus* e *Deltacoronavirus* infectam pássaros, mas alguns deles também podem infectar mamíferos<sup>31</sup>.



Fonte: Elaborado pelos autores.

Figura 1. Taxonomia do SARS-CoV-2



As sequências de aminoácidos de sete domínios conservados de replicase no ORF1ab (utilizados para classificação de espécies de CoV) mostraram-se 94,4% idênticas entre o SARS-CoV-2 e o SARS-CoV, sugerindo que os dois vírus pertencem à mesma espécie, SARS-CoV<sup>20</sup>.

Estudos filogenéticos das sequências genômicas do SARS-CoV-2 demonstram semelhanças com as sequências de SARS-CoV de morcegos, o que os agrupa na mesma linhagem (B) dos *Betacoronavirus*. HCoV-HKU1 e HCoV-OC43 estão agrupados na linhagem A. MERS-CoV pertence à linhagem C, juntamente com o MERS-CoV de camelos. A linhagem C também agrupa vírus de morcegos e de mamíferos como os ouriços. A linhagem D contém espécies virais que infectam morcegos<sup>32</sup>.

### Constituição do vírus

Os coronavírus são vírus envelopados, aproximadamente esféricos e moderadamente pleiomórficos. Os vírions têm diâmetros médios de 80 a 120 nm<sup>33</sup>. Possuem genoma de RNA não segmentado, fita simples, sentido positivo, 5'-cap, 3'-poliadenilado e tamanho surpreendentemente grande, variando de 27 a 32 quilobases<sup>34</sup>.

O genoma do SARS-CoV-2 consiste em seis grandes fases de leitura aberta (ORFs) comuns aos coronavírus, e vários outros genes acessórios<sup>20</sup>. É uma característica destes vírus a capacidade de transcrever RNAs mensageiros para cada proteína, o que permite o controle da taxa de síntese de acordo com os requisitos do vírus e da célula hospedeira<sup>13</sup>. Seu ciclo de replicação apresenta as etapas de adesão, entrada, tradução da replicase viral, transcrição e replicação do genoma, tradução de proteínas estruturais, montagem e liberação do vírion<sup>34</sup>.

Os CoVs codificam quatro proteínas principais: glicoproteína espicular (S), proteína do envelope (E), glicoproteína da membrana (M) e proteína do nucleocapsídeo (N)<sup>13</sup>. Estudos de infectividade relacionados a capacidade de adesão do vírus em células HeLa modificadas com capacidade de expressão de diferentes receptores enzima conversora de angiotensina 2 (ser humano, morcego-ferradura chinês, porco e civeta) demonstraram que o SARS-CoV-2 interagiu com estes receptores, mas não com os receptores aminopeptidase N (APN) e dipeptidil peptidase 4 (DPP4), o que reforça que este é o receptor celular utilizado para o vírus adentrar as células humanas<sup>20</sup>.

Os coronavírus utilizam a proteína S como principal alvo para neutralizar anticorpos, para se ligar ao receptor e mediar a fusão à membrana e entrada na célula. Suas duas subunidades, S1 e S2, são responsáveis pela adsorção e fusão à membrana, respectivamente<sup>35</sup>.

A glicoproteína S tipo I se sobressai da superfície do vírus e atrai grande atenção devido a sua função na ligação ao receptor da célula hospedeira<sup>36</sup>. Ela parece ser o

principal determinante para o sucesso dos eventos iniciais de infecção entre as espécies<sup>13</sup>.

A compreensão dos principais componentes estruturais e moleculares do SARS-CoV-2 é um caminho fundamental para chegar à terapêutica da COVID-19. Como não há até o momento um tratamento farmacológico disponível para esta doença e devido à sua gravidade, é urgente a necessidade de se encontrar opções terapêuticas em apoio a protocolos existentes para auxiliar na prevenção, tratamento, controle da sintomatologia e diminuir a gravidade das infecções causadas pelo SARS-CoV-2<sup>37</sup>. Embora as vacinas em desenvolvimento estejam em etapas clínicas avançadas, ainda não há nenhuma disponível para qualquer espécie de coronavírus. Apesar dos esforços e rapidez, as datas de conclusão dos ensaios clínicos são estimadas entre o final de 2020 e início de 2021 e pode levar mais tempo para o licenciamento para uso global, o que enfatiza a necessidade das comprovadas estratégias de saúde pública, como distanciamento físico, detecção precoce e autoisolamento como importantes ferramentas de mitigação desta doença<sup>38</sup>.

### CONCLUSÃO

O novo coronavírus SARS-CoV-2 é o agente etiológico da COVID-19, doença infecciosa altamente contagiosa que afeta principalmente o trato respiratório inferior e cujos primeiros casos foram relatados na China em 2019. Desde então, o vírus se espalhou por todo o mundo, causando uma pandemia que traz consequências catastróficas para a saúde e economia globais: além dos milhares de mortes e sequelas permanentes em muitos sobreviventes, criou ou agravou crises econômicas, especialmente em países em desenvolvimento, como o Brasil.

Embora tenham ocorrido discussões iniciais em relação ao seu nome, o ICTV o designou oficialmente como SARS-CoV-2 e a WHO designou o nome da doença como COVID-19. Ambos levaram em consideração aspectos técnicos e mesmo éticos, evitando estigmatizar e aprofundar o preconceito e xenofobia que cercam este tema.

Por ser um vírus zoonótico cujo *spillover* está relacionado ao morcego-ferradura como hospedeiro primário e com possível hospedeiro secundário domesticado ou comercializado em mercados para alimentação humana, o SARS-CoV-2 traz à tona o desafio permanente sobre a relação humano-animal, cuja análise de suas interações deve predominar sobre os olhares individuais de um ou do outro se quisermos dirimir ou evitar o surgimento de novas linhagens ou espécies virais em humanos.

Por fim, o conhecimento aprofundado sobre a replicação viral, os receptores celulares e seus alvos será um trampolim para encontrar um medicamento para a infecção por SARS-CoV-2<sup>39</sup>.

**Participação dos autores:** *Omar Arafat Kdudsi Khalil*: participou ativamente da concepção, realizou a análise e interpretação dos dados, redigiu o manuscrito e participou na aprovação final da versão publicada. *Sara da Silva Khalil*: realizou a análise e interpretação dos dados, participou da revisão do manuscrito e na aprovação final da versão publicada.

## REFERÊNCIAS

- Enquist LW. Virology in the 21st century. *J Virol.* 2009;83(11):5296-308. doi: <https://doi.org/10.1128/JVI.00151-09>.
- Santos NSO. Novos desafios no ensino da virologia. *Rev Pan-Amaz Saude.* 2018;9(1):7-8. doi: <https://doi.org/10.5123/S2176-62232018000100001>.
- Chomel BB. Zoonoses. *Ref Mod Biomed Sci.* 2014. doi: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801238-3.02426-0>.
- Foster JE. Viruses as pathogens: animal viruses affecting wild and domesticated species. In: Tennant P, Fermin G, Foster J, editors. *Viruses. Molecular biology, host interactions, and applications to biotechnology.* London: Academic Press; 2018. Chap. 8, p.189-216. doi: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-811257-1.00008-5>.
- Leduc JW, Barry MA. SARS, the first pandemic of the 21st century. *Emerging Infect Dis.* 2004;10(11):e26. doi: [https://doi.org/10.3201/eid1011.040797\\_02](https://doi.org/10.3201/eid1011.040797_02).
- World Health Organization (WHO). Coronavirus disease 2019 (COVID-19) Situation Report – 51. Data as reported by national authorities by 10 AM CET 11 March 2020. Available from: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200311-sitrep-51-covid-19.pdf?sfvrsn=1ba62e57\\_10](https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200311-sitrep-51-covid-19.pdf?sfvrsn=1ba62e57_10).
- World Health Organization (WHO). Coronavirus disease 2019 (COVID-19) Situation Report – 82. Data as received by WHO from national authorities by 10:00 CET, 11 April 2020. Available from: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200411-sitrep-82-covid-19.pdf?sfvrsn=74a5d15\\_2](https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200411-sitrep-82-covid-19.pdf?sfvrsn=74a5d15_2).
- Gates B. Responding to Covid-19 - a once-in-a-century pandemic? *N Engl J Med.* 2020;382:1677-9. doi: <https://doi.org/10.1056/NEJMp2003762>.
- Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, Zhang L, Fan G, Xu J, Gu X, Cheng Z, Yu T, Xia J, Wei Y, Wu W, Xie X, Yin W, Li H, Liu M, Xiao Y, Gao H, Guo L, Xie J, Wang G, Jiang R, Gao Z, Jin Q, Wang J, Cao B. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet.* 2020;395:497-506. doi: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30183-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5).
- Fan Y, Zhao K, Shi Z-L, Zhou P. Bat coronaviruses in china. *Viruses.* 2019;11(210):14. doi: <https://doi.org/10.3390/v11030210>.
- Cheng VCC, Lau SKP, Woo PCY, Yuen KY. Severe acute respiratory syndrome coronavirus as an agent of emerging and reemerging infection. *Clin Microbiol Rev.* 2007;20(4):660-94. doi: <https://doi.org/10.1128/CMR.00023-07>.
- Confalonieri UEC. Emergência de doenças infecciosas humanas: processos ecológicos e abordagens preditivas. *Oecol Aust.* 2010;14(3):591-602. doi: <https://doi.org/10.4257/oeco.2010.1403.01>.
- Kasmi Y, Khataby K, Souiri A, Ennaji MM. Coronaviridae: 100,000 years of emergence and reemergence. In: Ennaji MM, editor. *Emerging and reemerging viral pathogens. Vol. I. Fundamental and Basic Virology Aspects of Human, Animal and Plant Pathogens.* London: Elsevier Academic Press; 2020. v.1, p.127-49. doi: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819400-3.00007-7>.
- Wu A, Peng Y, Huang B, Ding X, Wang X, Niu P, Meng J, Zhu Z, Zhang Z, Wang J, Sheng J, Quan L, Xia Z, Tan W, Cheng G, Jiang T. Genome composition and divergence of the novel coronavirus (2019-nCoV) originating in china. *Cell Host Microbe.* 2020;27(311):325-8. doi: <https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.02.001>.
- Decaro N, Lorusso A. Novel human coronavirus (SARS-CoV-2): a lesson from animal coronaviruses. *Vet Microbiol.* 2020;244:108693. doi: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2020.108693>.
- Cui J, Li F, Shi Z-L. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nat Rev Microbiol.* 2019;17(3):181-192. doi: <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0118-9>.
- Chan JF-W, Kok K-H, Zhu Z, Chu H, Kai-Wang K, To KK-W, Yuan S, Yuen K-Y. Genomic characterization of the 2019 novel human pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan. *Emerg Microbes Infect.* 2020;9(1):221-36. doi: <https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1719902>.
- Han G-Z. Pangolins harbor SARS-CoV-2-related coronaviruses. *Trends Microbiol.* 2020;28(7):515-7. doi: <https://doi.org/10.1016/j.tim.2020.04.001>.
- Zhang T, Wu Q, Zhang Z. Probable pangolin origin of SARS-CoV-2 associated with the COVID-19 outbreak. *Curr Biol.* 2020;30(76):1346-51.e2. doi: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2020.03.022>.
- Zhou P, Yang XL, Wang X-G, Hu B, Zhang L, Zhang W, Si H-R, Zhu Y, Li B, Huang C-L, Chen H-D, Chen J, Luo Y, Guo H, Jiang R-D, Liu M-Q, Chen Y, Shen X-R, Wang X, Zheng X-S, Zhao K, Chen Q-J, Deng F, Liu L-L, Yan B, Zhan F-X, Wang Y-Y, Xiao G-F, Shi Z-L. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature.* 2020;579:270-86. doi: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>.
- Organização Pan-Americana de Saúde (OPS). COVID-19 (doença causada pelo novo coronavírus). *Folha Informativa,* 2020. Atual. 17 abr. 2020. Disponível em: [https://www.paho.org/bra/index.php?option=com\\_content&view=article&id=6101:covid19&Itemid=875](https://www.paho.org/bra/index.php?option=com_content&view=article&id=6101:covid19&Itemid=875).
- Wang L-F, Anderson DE, Mackenzie JS, Merson MH. From Hendra to Wuhan: what has been learned in responding to emerging zoonotic viroses. *Lancet.* 2020;395(1022422-28):e33-e34. doi: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30183-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5).

- org/10.1016/S0140-6736(20)30350-0.
23. Gorbalenya AE, Baker SC, Baric RS, De Groot RJ, Drosten C, Gulyaeva AA, Haagmans BL, Lauber C, Leontovich AM, Neuman BW, Penzar D, Perlman S, Poon LLM, Samborskiy DV, Sidorov IA, Sola I, Ziebuhr J. The species severe acute respiratory syndrome related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. *Coronaviridae Study Group of the International Committee on Taxonomy of Viruses. Nat Microbiol.* 2020;5(536):536-44. doi: <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0695-z>.
  24. Jiang S, Shi Z, Shu Y, Song J, Gao GF, Tan W, Guo D. A distinct name is needed for the new coronavirus. *Lancet.* 2020;395(1022821-27):949. doi: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30419-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30419-0).
  25. Jiang S, Hillyer C, Du L. Neutralizing antibodies against SARS-CoV-2 and other human coronaviruses. *Trends Immunol.* 2020;41(5):355-359. doi: <https://doi.org/10.1016/j.it.2020.03.007>.
  26. World Health Organization (WHO). Naming the coronavirus disease (COVID-19) and the virus that causes it. Geneva; 2020 [cited 2020 April 12]. Available from: [https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-\(covid-2019\)-and-the-virus-that-causes-it](https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-(covid-2019)-and-the-virus-that-causes-it).
  27. World Health Organization (WHO). Novel coronavirus (2019-nCoV) situation report – 22. Geneva; 2020. Available from: <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200211-sitrep-22-ncov.pdf>.
  28. Calisher CH. Qual é a diferença entre uma espécie de vírus e um vírus? A mesma diferença existente entre Homo sapiens e você. *Rev Pan-Amaz Saude.* 2010;1(3):137-9. doi: <https://doi.org/10.5123/S2176-62232010000300019>.
  29. International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). Virus taxonomy: 2018b release. EC 50, Washington, DC; July 2018. Email ratification February 2019 (MSL #34). Available from: <https://talk.ictvonline.org/taxonomy/>.
  30. Ko W-C, Rolain J-M, Lee N-Y, Chen P-L, Huang CT, Lee P-I, Hsueh P-R. Arguments in favour of remdesivir for treating SARS-CoV-2 infections. *Int J Antimicrob Agents.* 2020;55(4):article 105933. doi: <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2020.105933>.
  31. Woo PC, Lau SKP, Lam CSF, Lau Ccy, Tsang AKL, Lau JHN, Bai R, Teng JLL, Tsang CCC, Wang M, Zheng, B-J, Chan K-H, Yuena K-Y. Discovery of seven novel Mammalian and avian coronaviruses in the genus deltacoronavirus supports bat coronaviruses as the gene source of alphacoronavirus and betacoronavirus and avian coronaviruses as the gene source of gammacoronavirus and deltacoronavirus. *J Virol.* 2012;86(7):3995-4008. doi: <https://doi.org/10.1128/JVI.06540-11>.
  32. Jaimes JA, André NM, Chappie JS, Millet JK, Whittaker GR. Phylogenetic analysis and structural modeling of SARS-CoV-2 spike protein reveals an evolutionary distinct and proteolytically sensitive activation loop. *J Mol Biol.* 2020;432(10):3309-25. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2020.04.009>.
  33. Masters PS. The molecular biology of coronaviruses. *Adv Virus Res.* 2006;66:193-292. doi: [https://doi.org/10.1016/S0065-3527\(06\)66005-3](https://doi.org/10.1016/S0065-3527(06)66005-3).
  34. Fung S, Liu DX. Human coronavirus: host-pathogen interaction. *Annu Rev Microbiol.* 2019;73:529-57. doi: <https://doi.org/10.1146/annurev-micro-020518-115759>.
  35. Ou X, Liu Y, Lei X, Li P, Mi D, Ren L, Guo L, Guo R, Chen T, Hu J, Xiang Z, Mu Z, Chen X, Chen J, Hu K, Jin Q, Wang J, Qian Z. Characterization of spike glycoprotein of SARS-CoV-2 on virus entry and its immune cross-reactivity with SARS-CoV. *Nat Commun.* 2020;11(1620):1-12. doi: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-15562-9>.
  36. Luan J, Lu Y, Jin X, Zhang L. Spike protein recognition of mammalian ACE2 predicts the host range and an optimized ACE2 for SARS-CoV-2 infection. *Biochem Biophys Res Commun.* 2020;526(121):165-9. doi: <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2020.03.047>.
  37. Fuzimoto AD, Isidoro C. The antiviral and coronavirus-host protein pathways inhibiting properties of herbs and natural compounds – Additional weapons in the fight against the COVID-19 pandemic? *J Tradit Complement Med.* 2020;10(40):405-19. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jtcme.2020.05.003>.
  38. Koirala, A, Joo JY, Khatami A, Chiu C, Britton, PN. Vaccines for COVID-19: the current state of play. *Paediatr Respir Rev.* 2020;35:43-9. doi: <https://doi.org/10.1016/j.prrv.2020.06.010>.
  39. Vellingiri B, Jayaramayya K, Iyer M, Narayanasamy A, Govindasamy V, Giridharan B, Ganesan S, Venugopal A, Venkatesan D, Ganesan H, Rajagopalan K, Rahman PKSM, CHO S-G, Kumar NS, Subramaniamk MD. COVID-19: a promising cure for the global panic. *Sci Total Environ.* 2020;725:138227. doi: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.138277>.

Recebido: 11.05.2020

Aceito: 28.08.2020