



ANÁLISE FILOGENÉTICA COMPUTACIONAL DAS LINHAGENS DE SARS-CoV-2 E A ATUAÇÃO DO ENFERMEIRO FRENTE A PANDEMIA.

Maria Eduarda Wanderley de Barros Silva¹, Igor Luiz Vieira de Lima Santos²

RESUMO

O SARS-CoV-2 ou também conhecido como novo coronavírus se tornou um grave problema mundial de saúde pública no Brasil e mundo, fazendo com que acarrete para população uma doença infecciosa e variadas consequências devido ao seu contágio e alta transmissibilidade. Nesse cenário de calamidade global de saúde, tem se discutido sobre a atuação do enfermeiro frente a pandemia lidando com o estresse e situações que geram Sofrimento Emocional (SE) na sua rotina hospitalar e como isso influencia no seu enfrentamento ao vírus. Este trabalho objetiva analisar ferramentas de bioinformática a filogenia das cepas virais sequenciadas e analisar a atuação do enfermeiro frente a pandemia. Foi realizada uma metodologia com características qualitativas e quantitativas, utilizando técnicas padronizadas, selecionando artigos nos bancos de dados mais representativos acerca do tema. O trabalho da enfermagem é altamente estressante e possui muitas incertezas que podem gerar emoções negativas e podem afetar a saúde mental e física do enfermeiro. Sendo assim, é necessária a implantação de uma assistência de enfermagem pautada na atenção à saúde mental do enfermeiro com programas de acolhimento e cuidados terapêuticos.

Palavras-chave: Infecções por Coronavírus; Enfermagem; Filogenia.

¹Graduanda em Bacharelado em Enfermagem, Unidade Acadêmica de Enfermagem, UFCG, Cuité, PB, e-mail: eduarda.wanderley@outlook.com

² Doutor em Biotecnologia, Professor Adjunto, Unidade Acadêmica de Biologia e Química, UFCG, Cuité, PB, e-mail: igorsantosufcg@gmail.com

COMPUTATIONAL PHYLOGENETIC ANALYSIS OF SARS-CoV-2 LINEAGES AND THE PERFORMANCE OF NURSES AGAINST THE PANDEMIC.

ABSTRACT

SARS-CoV-2 or also known as the new coronavirus has become a serious global public health problem in Brazil and worldwide, causing it to cause an infectious disease to the population and various consequences due to its contagion and high transmissibility. In this scenario of global health calamity, the role of nurses in the face of the pandemic has been discussed, dealing with stress and situations that generate Emotional Suffering (ES) in their hospital routine and how this influences their fight against the virus. This work aims to analyze bioinformatics tools, the phylogeny of sequenced viral strains and analyze the role of nurses in the face of the pandemic. A methodology with qualitative and quantitative characteristics was carried out, using standardized techniques, selecting articles from the most representative databases on the subject. Nursing work is highly stressful and has many uncertainties that can generate negative emotions and can affect nurses' mental and physical health. Therefore, it is necessary to implement nursing care based on mental health care for nurses, with reception and therapeutic care programs.

Keywords: Coronavirus Infections; Nursing; Phylogeny.

INTRODUÇÃO

O ano de 2020 foi marcado pela pandemia do novo coronavírus decretada pela Organização Mundial de Saúde (OMS), que teve início na província de Hubei, na China que gerou a doença causada pelo vírus da Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS-CoV-2). Dessa forma, assim que foi decretado a pandemia do coronavírus a China, Espanha e Estados Unidos da América possuíam maior evidência no mundo visto que apresentavam um maior número de casos alertando assim os órgãos de saúde sobre a transmissibilidade do mesmo (SOUZA *et al.*, 2021).

Os diversos tipos de coronavírus como a Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS) e a Síndrome Respiratória do Oriente Médio (MERS) e atualmente a COVID-19 causam na humanidade desde resfriados comuns até doenças mais graves levando a complicações e até a morte de um grande contingente de pessoas. O coronavírus é conhecido por ser transmitido com rápida propagação em comparação com outros coronavírus sendo através de transmissão via gotículas respiratórias e pelo contato direto e indireto por fômites contaminados causando dificuldade no controle do vírus (ACELAS *et al.*, 2021).

É de fundamental importância compreender as características epidemiológicas e evolutivas tanto do SARS quanto do MERS-CoV, pois os dois coronavírus estão geneticamente relacionados. A possibilidade de recombinação entre esses dois vírus se ocorrer coinfeção do vírus, o hospedeiro não pode ser descartado devido suas espécies hospedeiras se sobreponem (ZHANG *et al.*, 2021).

O sequenciamento de genomas virais se tornou uma ferramenta importante na compreensão e rastreamento da dinâmica das infecções permitindo a reconstrução eficaz da disseminação geográfica viral além de sua estimativa de quantidade epidemiológica como o número de reprodução básica do vírus, taxa de crescimento, tempo de duplicação e padrões de incidência e prevalência da doença (MILLER *et al.*, 2020).

A análise filogenética demonstra que o novo vírus era semelhante ao coronavírus SARS quando comparado com os outros tipos conhecidos por infectar humanos e morcegos. Os dados genéticos fornecem percepções sobre a evolução da epidemia conforme ocorre a transmissão através da população ele se acumula por mutações em seu código genético. Assim, ao identificar as

diversas mudanças em sequências genéticas de diferentes pacientes é identificada a possibilidade de reconstrução e a história evolutiva de uma epidemia (VOLZ *et al.*, 2020).

Com os inúmeros estudos sobre a importância do sequenciamento do genoma SARS-CoV-2 para rastrear a origem viral é também importante identificar a propriedade da transmissão e dinâmica mutacional para que seja informada a população e organizações públicas de saúde. Assim, os contribuintes potenciais para o surto de infecções incluem a mudança de comportamento do hospedeiro, permitindo que o vírus seja transmitido mais facilmente, ou a evolução do patógeno, permitindo que ele supere as barreiras que anteriormente retardavam sua disseminação (SJAARDA *et al.*, 2021).

Como é novidade o SARS-CoV-2, existem poucas informações sobre sua disseminação, tratamento e controle com isso é desencadeado nos profissionais de saúde medo e estresse sendo um desagradável estado mental produzido pela percepção de perigo iminente e desconhecido. Assim, as principais causas de estresse relacionadas ao vírus são a possibilidade de autoinoculação do vírus, preocupação com a possibilidade de infectar parentes, alteração do sono e sensação de perigo (FERNÁNDEZ *et al.*, 2021).

Os profissionais de enfermagem que estão na linha de frente da pandemia possuem risco de contaminação por atuar no contato direto ao paciente, além de enfrentarem problemas com o risco desordenado do número de casos, escassez de Equipamento de Proteção Individual (EPI), falta de tratamento específico para doença e longas jornadas de trabalho. Assim, a atuação desses profissionais é cada vez mais acometida causando consequências para os mesmos (APPEL *et al.*, 2021).

O surgimento de uma doença súbita e que apresenta um elevado risco de morte promove aos profissionais que estão na linha de frente elevação da pressão psicológica aumentando assim sua exaustão física, aumento da carga horária de trabalho, alta transmissibilidade hospitalar e necessidade de tomada de decisões eticamente difíceis sobre o racionamento dos cuidados e seu bem-estar mental e físico (SANTOS *et al.*, 2021).

Os profissionais de saúde enfrentam o isolamento e discriminação social sendo assim se tornam um grupo sensível com sentimentos emocionais complexos e sofrimento psicológico. As incertezas sobre a vacina, tratamento e

taxa de transmissão do vírus afetam o nível de ansiedade nos enfermeiros que atuam na linha de frente. Juntamente a isso, vivenciam problemas no convívio familiar e social pelo medo de infecção levantando assim emoções negativas (AKSOY *et al.*, 2020).

Por fim, esse trabalho pauta-se no estudo sobre a atuação dos enfermeiros na linha de frente contra a pandemia do COVID-19 com intuito de identificar os problemas encontrados pelos mesmos e quais as dificuldades encontradas através do conhecimento científico, ainda limitado, sobre a temática e problemática atual. O objetivo geral do trabalho foi analisar sistematicamente por ferramentas de bioinformática a filogenia das cepas virais sequenciadas, além de analisar a atuação dos enfermeiros na pandemia do COVID-19 e seus enfrentamentos. Ademais, a pesquisa é justificada pela relevância social sobre o tema proposto com a possibilidade de promoção, prevenção e recuperação da saúde populacional para que haja uma redução das consequências causadas pelo vírus nos profissionais de enfermagem que estão na linha de frente contra a pandemia do coronavírus, proporcionando para sociedade bem-estar e melhorias na qualidade de vida com aquisição de informações sobre o tema proposto.

METODOLOGIA

Local e Equipe de Estudo

O trabalho foi realizado remotamente e também quando necessário, nas dependências do Centro de Educação e Saúde da Universidade Federal de Campina Grande com o grupo de pesquisa BASE (Biotecnologia Aplicada à Saúde e Educação). O próprio aluno e o grupo de pesquisa e a Universidade ofereceram toda a infraestrutura computacional e de rede necessária para a realização do trabalho.

Metodologia Geral

Trata-se de um estudo exploratório e tecnológico, com características quantitativas e qualitativas como ferramenta subsidiária de informações essenciais para atingir os objetivos propostos. Foram utilizadas técnicas padronizadas de coleta de dados utilizando como base bancos de dados de

informações genéticas e bibliográficas, com o intuito de expandir as expectativas referentes ao tema, proporcionando uma visão conceitual mais ampla.

A atuação dos enfermeiros frente a pandemia da COVID-19 foi realizada remotamente por meio de uma revisão bibliográfica sobre o tema e seleção de artigos pertinentes para alcançar os objetivos propostos.

Nos bancos de dados foram identificados artigos tratando a respeito da temática, bem como conteúdos sobre a análise filogenética computacional visando o tema proposto. Na base de dados mais sólida consultada até o momento foram catalogados 16 artigos versando sobre o referido tema utilizando o termo “Coronavirus Infections AND Nursing” destes foram selecionados os artigos mais recentes e representativos da atuação do enfermeiro na pandemia e análise filogenética computacional do SARS-CoV-2.

2.3 Programas Genéticos e Análises das Sequências Virais

Foram utilizados programas específicos para obtenção das sequências e gráficos evolutivos do genoma viral provenientes dos Bancos de Dados GenBank (NCBI – National Center for Biotechnology Information) (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>).

As análises se basearam na filogenia molecular de genes associados ao genoma viral para identificação da sua evolução e distribuição geográfica no Brasil e no mundo. Foram utilizados programas como o NEXTSTRAIN, GENBANK e PDB.

2.4 Viabilidade

Este trabalho está em acordo com a Lei Nº 13.123, de 20 de maio de 2015 que define “patrimônio genético” como “informação de origem genética de espécies vegetais, animais, microbianas ou espécies de outra natureza, incluindo substâncias oriundas do metabolismo destes seres vivos” e “conhecimento tradicional associado” como “informação ou prática de população indígena, comunidade tradicional ou agricultor tradicional sobre as propriedades ou usos diretos ou indiretos associada ao patrimônio genético”. Este trabalho segue as normas do CGEN - Conselho de Gestão do Patrimônio Genético. Dito isto, a presente pesquisa cumpre todos os requisitos estabelecidos pela referida

lei e por ser de prospecção de dados já disponíveis na internet em bancos de dados especializados não requer autorizações prévias.

DESENVOLVIMENTO

RESULTADOS E DISCUSSÃO

É perceptível o crescente número de profissionais contaminados e afastados do trabalho advindo da sobrecarga de trabalho contribuindo ainda mais para o esgotamento psíquico da equipe de enfermagem. O estresse ocupacional é um importante fator de exaustão psíquica no enfrentamento da pandemia do covid-19 gerando diversas incertezas refletindo na saúde mental dos profissionais de enfermagem. Os fatores psicossociais relacionados ao sofrimento no trabalho estão relacionados aos afastamentos dos colegas contaminados, as altas demandas, a escassez de materiais, o medo de ser contaminado e a falta de apoio psicossocial sobrecarregam esses profissionais e causa estresse e pode desencadear esgotamento físico (MOREIRA *et al.*, 2020).

O recente estudo feito pelas Condições de Trabalho dos Profissionais de Saúde no contexto da COVID-19 no ano de 2021, relata que (58,8%) da equipe é formada por enfermeiros seguidos de médicos (22,6%), fisioterapeutas (5,7%), odontólogos (5,4%) e farmacêutico (1,6%). Sendo importante ressaltar que destes, 25% foram infectados pelo coronavírus, assim a pesquisa revela que a pandemia alterou de forma significativa a vida desses trabalhadores em 95% para pior por despertar o medo da contaminação, morte, salários baixos, transporte alternativo e alimentação (SANTOS *et al.*, 2021).

Os hospitais são considerados como locais de trabalho de alto risco e com alta complexidade profissional com isso os enfermeiros podem ser facilmente afetados pela frustração no trabalho em ambientes hospitalares fazendo com que não queiram estar na linha de frente no combate ao COVID-19 (CHEN *et al.*, 2021). O resultado desse estudo implica que o trabalho da enfermagem é altamente estressante e possuem muitas incertezas que podem gerar emoções negativas e podem afetar a saúde mental e física do enfermeiro. Com isso, altos

níveis de estresse no local de trabalho reduzem a satisfação no trabalho aumentando sua intenção de rotatividade.

A OMS, possui diretrizes específicas para profissionais de saúde sobre a disponibilidade da máscara N95, contudo a falta de máscara revela as condições inaceitáveis das instalações que os hospitais disponibilizam para as enfermeiras, pois as enfermeiras possuem acesso apenas a uma máscara N95 por dia, isso cria preocupação em relação a sua integridade, pois elas são rotuladas como descartáveis e para o uso único. Assim, com a oferta e a demanda atuais, a escassez de máscaras forçou os enfermeiros a usar a máscara durante o turno e a reutilizá-la por vários dias colocando em risco sua própria vida (GUNAWAN *et al.*, 2021). Dessa forma, faz com que os enfermeiros se arrisquem ainda mais ao vírus colaborando com sua disseminação aos outros profissionais e pacientes, sendo necessário assegurar o fornecimento de todos os equipamentos de proteção individual de qualidade e quantidade suficiente a fim de reduzir a disseminação do vírus e suas consequências.

Nas últimas duas décadas, dois CoVs novos, a síndrome respiratória aguda grave CoV (SARS-CoV) e a síndrome respiratória do Oriente Médio CoV (MERS-CoV), surgiram e causaram doenças humanas graves. Os coronavírus são uma grande família viral que causam doenças respiratórias, variando de um resfriado comum até doenças mais graves (AVASUS, 2020). capazes de atravessar a barreira das espécies e causar alta morbidade e mortalidade nas populações humanas. Por razões ainda a serem explicadas esses surtos resultam dos coronavírus zoonóticos, esses vírus podem atravessar barreiras entre espécies e causar, em humanos, doenças que variam do resfriado comum a doenças mais graves, como MERS e SARS. Curiosamente, esses últimos vírus provavelmente se originaram de morcegos e depois se mudaram para outros hospedeiros mamíferos - a civeta das palmeiras do Himalaia para SARS-CoV e o camelo dromedário para MERS-CoV - antes de pular para os seres humanos (CASCELLA *et al.*, 2020). A figura 1 mostra o genoma básico do SARS-Cov-2 com a localização das suas principais proteínas.

Figura 1. Genoma viral com 29.903 nucleotídeos. Representando a posição dos principais genes S (spike protein), N (nucleocapside protein), E (envelope protein) e M (Membrane Glycoprotein).

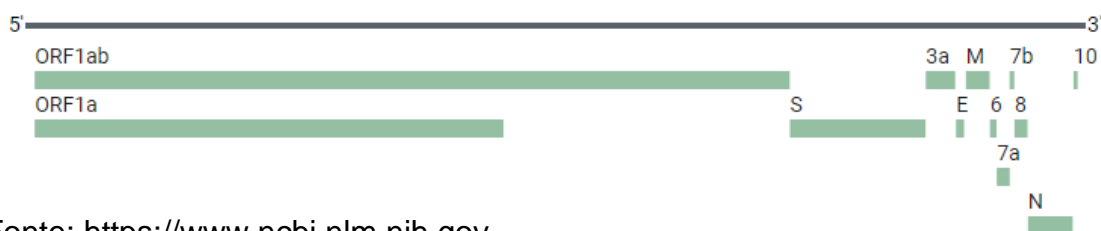
Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) reference genome

Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (Host: human,vertebrates)

ssRNA(+)

RefSeq: NC_045512.2

[NCBI Virus](#) [RefSeq genomic segments \(1\)](#) [RefSeq Proteins \(38\)](#) [NCBI SARS-CoV-2 resources](#)

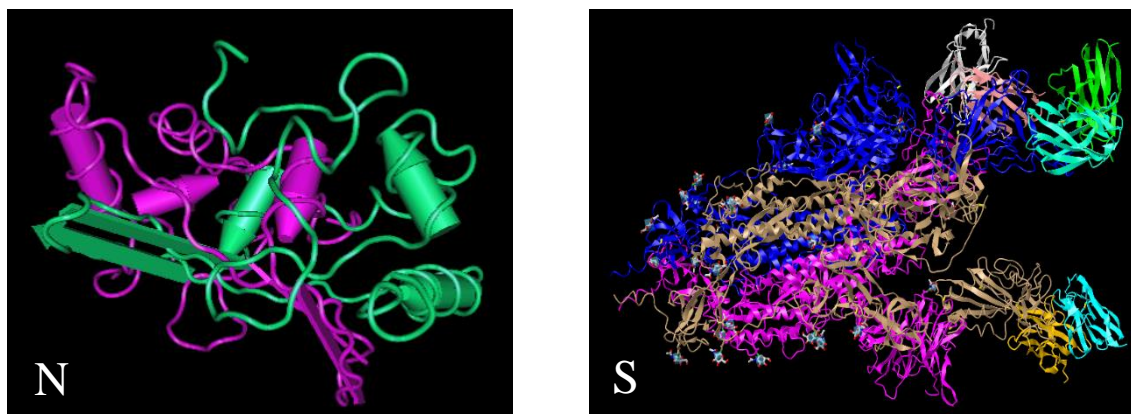


Fonte: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>

A Síndrome respiratória aguda grave coronavírus 2 (SARS-CoV-2) é um vírus de RNA de fita simples, de sentido positivo, que causa a doença coronavírus 2019 (COVID-19). As partículas do vírus incluem o material genético de RNA e proteínas estruturais necessárias para a invasão das células hospedeiras. Uma vez dentro da célula, o RNA infectante é usado para codificar proteínas estruturais que compõem as partículas dos novos vírus, proteínas não estruturais que direcionam a montagem, transcrição, replicação e controle do hospedeiro e proteínas acessórias cuja função ainda não foi determinada.

As proteínas estruturais do SARS-CoV-2 incluem a proteína do envelope (E), pico ou glicoproteína de superfície (S), proteína de membrana (M) e a proteína do nucleocapsídeo (N). A glicoproteína de superfície ou pico é encontrada na parte externa da partícula do vírus e dá aos vírus do coronavírus sua aparência de coroa. Esta glicoproteína medeia a ligação da partícula do vírus e a entrada na célula hospedeira. A proteína S é um alvo importante para o desenvolvimento de vacinas, terapias com anticorpos e testes diagnósticos baseados em antígenos.

Figura 2. Imagens em 3D das proteínas S e N.



Fonte: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>

Cada uma dessas proteínas possui diversas funções como por exemplo da proteína S.

Sua função molecular é obrigatória no vírus atuando como ligação ao receptor da superfície da célula hospedeira, ligação à superfície da célula hospedeira, ligação proteica e ligação de proteína idêntica.

As funções anotadas para processos biológicos da proteína S são: processo celular, processo viral, organização do componente celular, ciclo de vida viral, fusão da membrana do vírus com a membrana do endossoma do hospedeiro, fusão de membrana envolvida na entrada viral na célula hospedeira, processo biológico envolvido na interação simbiótica, entrada no host, processo biológico envolvido na interação interespecies entre organismos, processo celular multi-organismo, fusão de membrana multi-organismo, organização de membrana multi-organismo, entrada viral na célula hospedeira, processo biológico envolvido na interação com o hospedeiro, processo multi-organismo, movimento no ambiente host, organização de membrana, fusão de membrana, organização ou biogênese do componente celular, fusão da membrana do vírus com a membrana plasmática do hospedeiro, ligação do vírion à célula hospedeira, adesão biológica, adesão do simbiote ao hospedeiro, adesão do simbiote à célula hospedeira, ligação de vírion mediada por receptor à célula hospedeira, modulação por vírus do processo hospedeiro, modulação do processo de outro organismo, modulação por vírus da função molecular do hospedeiro, supressão por vírus da atividade da tetherina do hospedeiro, modulação por simbiote do processo hospedeiro, modulação da função molecular em outro organismo, modulação do processo de outro organismo

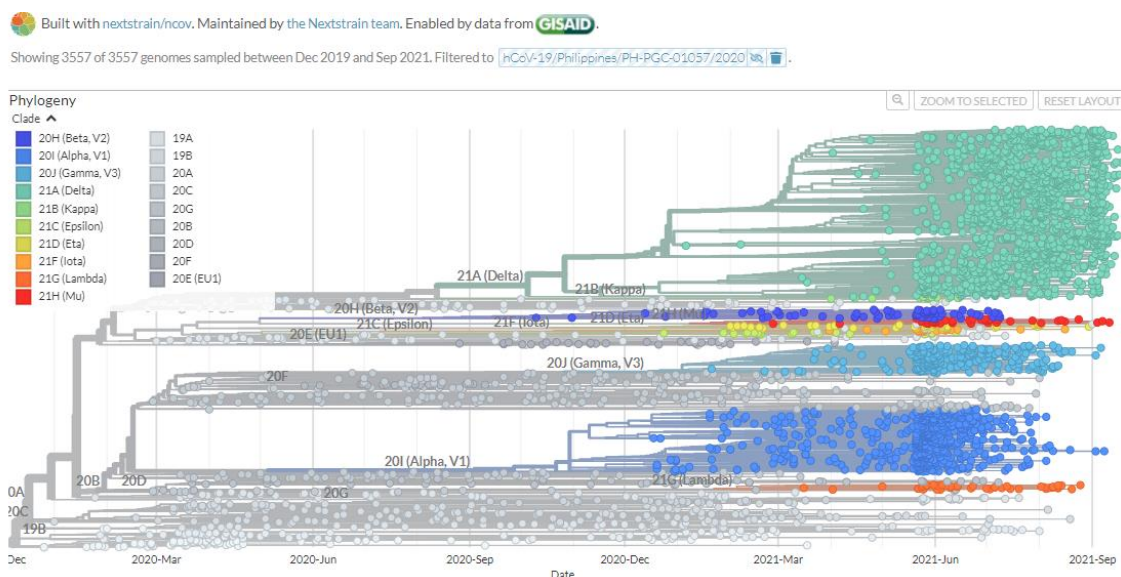
envolvido na interação simbiótica, modulação por simbiote da função molecular do hospedeiro e modulação da função molecular em outro organismo envolvido na interação simbiótica. Nesse contexto é notória a importância em entender como essa proteína funciona para que possa ser utilizada como base no combate a COVID-19.

Com base no grande número de pessoas infectadas que foram expostas ao mercado de animais úmidos na cidade de Wuhan, onde os animais vivos são rotineiramente vendidos, sugere-se que essa seja a provável origem zoonótica do COVID-19. Esforços foram realizados para procurar um hospedeiro reservatório ou portadores intermediários dos quais a infecção possa ter se espalhado para os seres humanos. Os relatórios iniciais identificaram duas espécies de cobras que poderiam ser um possível reservatório do COVID-19. No entanto, até o momento, não existem evidências consistentes de reservatórios de coronavírus além de mamíferos e aves. A análise da sequência genômica do COVID-19 mostrou 88% de identidade com dois coronavírus do tipo síndrome respiratória aguda grave (SARS) derivados de morcegos, indicando que os mamíferos são o elo mais provável entre o COVID-19 e os seres humanos (ROTHAN; BYRAREDDY, 2020). Essas incongruências nos achados ainda permeiam as mentes dos pesquisadores na tentativa de encontrar o elo que falta entre os Covs zoonóticos e humanos.

Apesar da ausência desse elo é possível estruturar as ligações dos clados das linhagens SARS-Cov-2 conforme figuras 3 e 4 abaixo. Onde verifica-se o surgimento da linhagem Delta surgindo em setembro de 2020 e obtendo lugar de destaque global a partir de março de 2021.

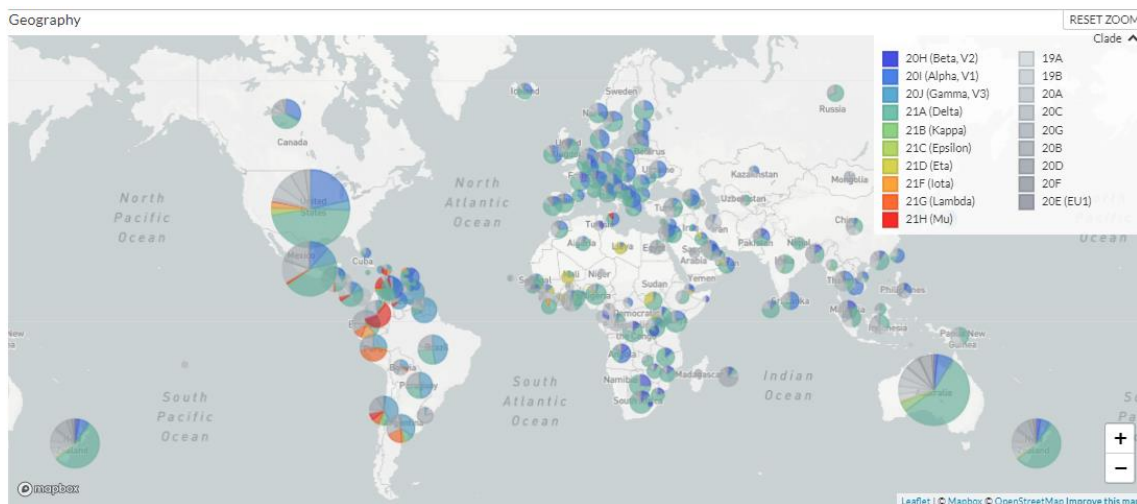
Os CoVs são um grupo de vírus de RNA altamente diversificados, envelopados, com sentido positivo e fita simples. Eles causam várias doenças que envolvem sistemas respiratórios, entéricos, hepáticos e neurológicos com gravidade variada entre humanos e animais. As infecções por CoVs humanos rotineiramente causam uma baixa porcentagem de infecções respiratórias anuais. Existem HCoV - OC43, HCoV - 229E, HCoV - NL63 e HCoV - HKU1, que causam doenças respiratórias leves (HE *et al.*, 2020).

Figura 3: Clados filogenéticos de linhagens de SARS-CoV-2. Esses são os clados globais catalogados onde existe atualmente a predominância da linhagem DELTA, descrita em verde acima de todas as outras.



Fonte: <https://nextstrain.org/ncov/gisaid/global>

Figura 4: Distribuição global dos clados de SARS-Cov-2.



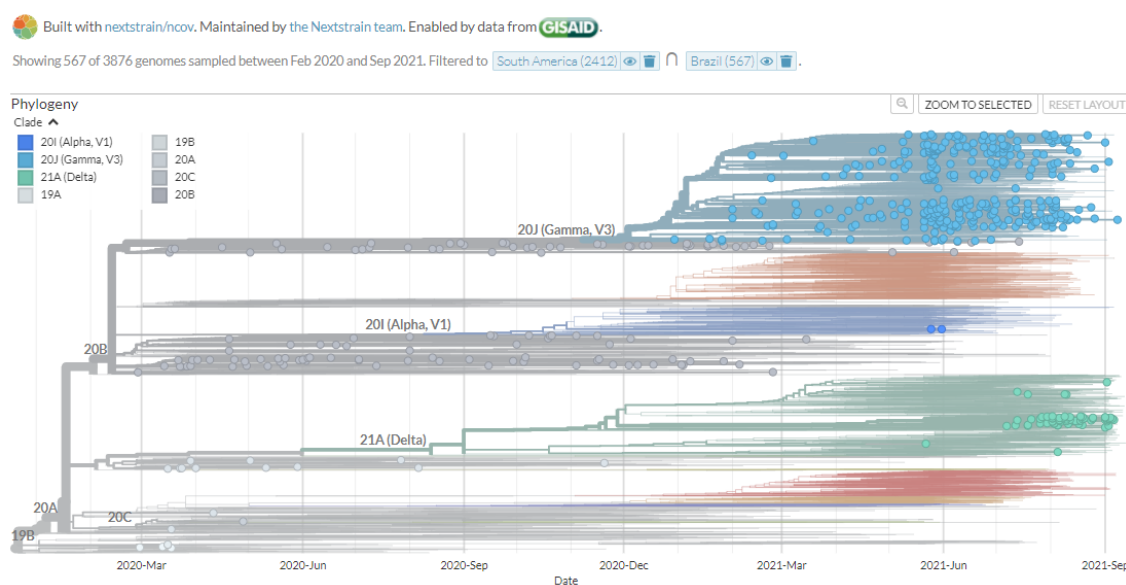
Fonte: <https://nextstrain.org/ncov/gisaid/global>

Apenas o SARS-CoV infectou mais de 8.000 pessoas em todo o mundo, com quase 800 mortes, representando uma taxa de mortalidade em torno de 10%. Enquanto o MERS-CoV infectou mais de 857 casos oficiais e 334 mortes, tornando sua taxa de mortalidade em aproximadamente 35%. Até agora, o SARS-CoV-2 é o sétimo membro da família de CoVs que infecta humanos. Uma análise comparativa entre todos esses vírus é essencial para seu melhor entendimento.

Várias teorias têm surgido para explicar a evolução e o desenvolvimento viral uma delas trata da alta homologia ao coronavírus em morcegos, como destacam Zhu *et al.*, (2020), e possui significativa homologia com o vírus da SARS, assim batizado devido a essa semelhança. Pesquisadores vinham estudando a função de novas proteínas estruturais dos coronavírus e algumas proteínas não estruturais (SCHAERCHER; PEKOSZ, 2012); MCBRIDE; FIELDING, 2010). Porém, o novo coronavírus possui características genômicas diferenciadas, algumas das quais são a principal causa de surtos em humanos, como dissertam Wu *et al*, (2020) e Paraskevis, (2020). As funções específicas dessas novas proteínas virais, ainda não são claras, mas estudos bem elaborados e as novas técnicas genéticas permitiram a rápida identificação e sequenciamento do genoma de várias amostras mundo afora, permitindo e favorecendo o entendimento do vírus e a possível busca por soluções eficazes e rápidas para a contenção da violência desse vírus.

O surgimento e evolução do SARS-Cov-2 trouxe inúmeros desafios para a sociedade mundial e também a brasileira onde agora verificamos a distribuição dos genomas do SARS-CoV-2 no Brasil, atentando para o crescimento exponencial da linhagem Delta, ainda uma incógnita frente a vacinação em massa implantada mundialmente.

Figura 5: Distribuição das variantes de SARS-Cov-2 no Brasil. Foram registrados e sequenciados formalmente até o momento 567 amostras de genomas virais.

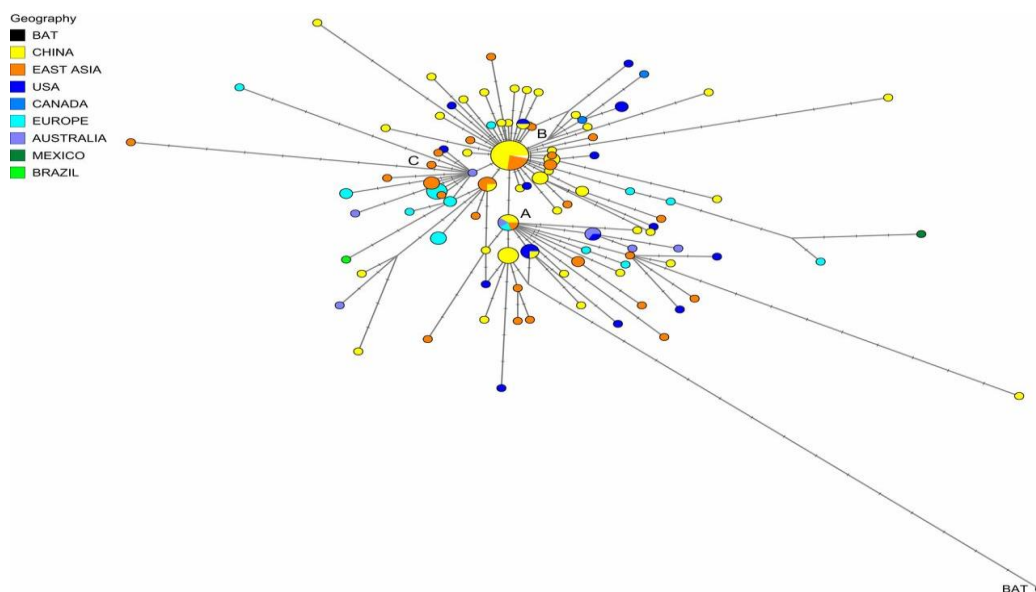


Fonte: <https://nextstrain.org/ncov/gisaid/global>

Em análise a uma rede filogenética de 160 genomas completos do SARS-CoV-2, sendo encontrado três variantes centrais distinguidas por alterações de aminoácidos, que chamamos de A, B e C, com A sendo o tipo ancestral de acordo com o coronavírus do grupo externo do morcego. Os tipos A e C são encontrados em proporções significativas fora da Ásia Oriental, ou seja, em europeus e americanos. Em contraste, o tipo B é o tipo mais comum na Ásia Oriental, e seu genoma ancestral parece não ter se espalhado fora da Ásia Oriental sem primeiro sofrer mutação em tipos B derivados, apontando para efeitos fundadores ou resistência imunológica ou ambiental contra este tipo fora da Ásia (FORSTER *et al.*, 2020).

De acordo com o bando de dados GISAID (<https://www.gisaid.org/>) continha uma compilação de genomas completos e parciais de 253 síndrome respiratória aguda grave coronavírus 2 (SARS-CoV-2) fornecidos por médicos e pesquisadores de todo o mundo desde dezembro de 2019. Para compreender a evolução deste vírus em humanos, e para auxiliar no rastreamento de vias de infecção e desenvolvimento de estratégias preventivas, sendo apresentado na figura 6 a rede filogenética de 160 genomas SARS-Cov-2 amplamente completos (FORSTER *et al.*, 2020).

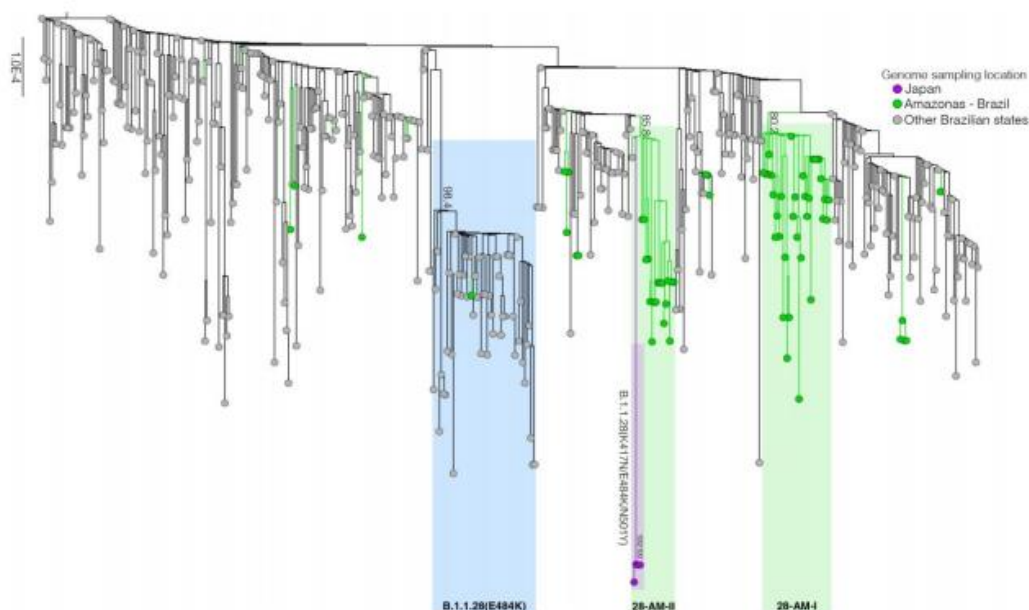
Figura 6: Rede filogenética de 160 genomas SARS-CoV-2.



Fonte: <https://www.pnas.org/content/117/17/9241.long>.

A análise filogenética de máxima verossimilhança (ML) revelou que as sequências de B.1.1.28 brasileiras do Amazonas foram principalmente ramificadas em dois clados monofiléticos. O clado monofilético 28-AM-I compreende 34 sequências isoladas em diferentes municípios amazônicos entre 20 de abril e 13 de novembro, agrupadas entre as sequências basais do estado de São Paulo. O clado monofilético 28-AM-II compreende 18 sequências isoladas em diferentes municípios amazônicos entre 20 de abril e 13 de novembro (EPI_ISL_801386 a EPI_ISL_801403) e também compreende as quatro sequências B.1.1.28 japonesas amostradas de viajantes retornando da região amazônica como ilustra na figura 7 (NAVECA *et al.*, 2020).

Figura 7: Árvore filogenética de máxima verossimilhança (MV) das sequências do genoma completo de B.1.1.28 do Brasil e do Japão. As sequências do estado do Amazonas são representadas por círculos verdes e as amostradas no Japão pelos roxos.



Fonte: NAVECA *et al.*, 2020.

Como relatado na Figura 7 o cluster B.1.1.28 (E484K) é destacado em azul, enquanto os dois clusters identificados no estado do Amazonas (28-AM-I e 28-AM-II) são destacados em verde. Os valores de suporte a LRT são indicados em nós chave. A árvore foi enraizada na amostra mais antiga e os comprimentos dos ramos são desenhados em escala com a barra esquerda indicando

substituições de nucleotídeos por local. Assim, a maioria dos clados B.1.1.28 brasileiros identificados até agora foram caracterizados por um baixo número de mutações sinapomórficas que os distinguem de outras sequências B.1.1.28 detectados no Brasil (NAVECA *et al.*, 2020).

4. CONCLUSÕES

É perceptível o cenário de vulnerabilidade que o enfermeiro está exposto devido a adoção de medidas restritivas, utilização de equipamento de segurança individual e isolamento social causando diversos problemas de saúde mental para o mesmo. Sendo assim necessário a implantação de uma assistência de enfermagem pautada na atenção à saúde mental do enfermeiro com programas de acolhimento e cuidados terapêuticos.

Assim, com essa grande problemática de saúde pública a pandemia do covid-19 proporcionou a união de esforços da comunidade científica mundial voltados para o entendimento de diversos aspectos desta nova doença. E com isso, o enfermeiro possui um papel importante no combate ao vírus a fim de impedir sua transmissibilidade e proporcionar a população bem-estar social com adoção de medidas preventivas e estudos científicos sobre o vírus, para que sejam disseminadas informações a população sobre como se prevenir da doença.

É fator preocupante a expansão da linhagem Delta no Brasil e no mundo, contudo deve-se esperar novos estudos que respondam se a vacina desenvolvida para linhagens mais ancestrais também surtirá o efeito desejado nessa nova linhagem e conseqüentemente em tantas outras que inevitavelmente surgirão devido a pressão seletiva imposta contra esse novo vírus.

AGRADECIMENTOS

O presente trabalho foi desenvolvido a partir do Programa Institucional Voluntário de Iniciação Científica (PIVIC), com apoio da Universidade Federal de Campina Grande campus Cuité-PB e do grupo de estudos Biotecnologia Aplicada à Saúde e Educação (BASE).

REFERÊNCIAS

AKSOY, Y.E.; KOÇAK, V. Psychological effects of nurses and midwives due to COVID-19 outbreak: The case of Turkey. *Archives of psychiatric nursing*. V. 34, p. 427-433, 2020. Available in: [https://www.psychiatricnursing.org/article/S0883-9417\(20\)30259-4/fulltext](https://www.psychiatricnursing.org/article/S0883-9417(20)30259-4/fulltext). Accessed on 01 June 2021.

ACELAS, A.L.R.; GETIAL, D.Y.; MONTAÑEZ, W.C. Correlación entre diagnósticos, resultados e intervenciones de enfermería en el cuidado al paciente hospitalizado por COVID-19. **Revista Cuidarte**. V.12, e. 1944, 2021. Disponible: <https://revistas.udes.edu.co/cuidarte/article/view/1944/2106>. Consultado el 1 de junio. 2021.

APPEL, A.P.; CARVALHO, A.R.S.; SANTOS, R.P. Prevalência e fatores associados à ansiedade, depressão e estresse em uma equipe de enfermagem COVID-19. *Rev. Gaúcha Enferm.* v. 42, 2021. Disponível em: <https://preprints.scielo.org/index.php/scielo/preprint/view/2199/3661>. Acesso em 01 de jun. 2021.

CASCELLA, M.; RAJNIK, M.; CUOMO, A.; DULEBOHN, S.C.; DI NAPOLI, R. Features, Evaluation and Treatment Coronavirus (COVID-19). In: **StatPearls. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2020.**

CHEN, H.M.; LIU, C.C.; YANG, S.Y.; WANG, Y.R.; HSIEH, P.L. Factors Related to Care Competence, Workplace Stress, and Intention to Stay among Novice Nurses during the Coronavirus Disease (COVID-19) Pandemic. **Int. J. Environ. Res. Public Health**. V. 4, p. 2122, 2021. Available in: <https://www.mdpi.com/1660-4601/18/4/2122/htm>. Accessed on 01 June 2021.

FERNÁNDEZ, I.A.M.; MORENO, S.C.; DÍAZ, L.C.; TORRES, R.M.G.; FERNÁNDEZ, J.A.M.; MARTÍREZ, E.K.H. Fear, Stress, and Knowledge regarding COVID-19 in Nursing Students and Recent Graduates in Mexico. *Invest. Educ. Enferm.* v. 39, e. 05, 2021. Disponível em: <https://revistas.udea.edu.co/index.php/iee/article/view/345514/20804846>. Acesso em 01 de jun. 2021.

FORSTER, P.; FORSTER, L. Phylogenetic network analysis of SARS-CoV-2 genomes. **Proceedings of the National Academy of Sciences**. 2020. v. 17, p. 9241-9243. Access in: <https://doi.org/10.1073/pnas.2004999117>. Access in 8 de jun. 2021.

GUNAWAN, J.; AUNGSUROCH, Y.; MARZILLI, C.; et al. A phenomenological study of the lived experience of nurses in the battle of COVID-19. **ScienceDirect**. P. 1-8, 2021. Available in: <https://www.nursingoutlook.org/action/showPdf?pii=S0029-6554%2821%2900024-5>. Accessed on 01 June 2021.

HE, F.; DENG, Y.; LI, W. Coronavirus disease 2019: What we know? **J Med Virol**. v.92, n.7, p.719-725, 2020.

MCBRIDE, R.; FIELDING, B. C. The role of severe acute respiratory syndrome (SARS)-coronavirus accessory proteins in virus pathogenesis. **Viruses** v.4, p.2902-2923, 2012.

MILLER, D.; MARTIN, M.A.; HAREL, N.; TIROSH, O. et al. Full genome viral sequences inform patterns of SARS-CoV-2 spread into and within Israel. **Nature communications**. V. 11, e. 5518, 2020. Available in: <https://www.nature.com/articles/s41467-020-19248-0#citeas>. Accessed on 01 June 2021.

MOREIRA, A.S.; LUCCA, S.R. Apoio psicossocial e saúde mental dos profissionais de enfermagem no combate à covid-19. **Revista Oficial do Conselho Federal de Enfermagem**. 2020. v. 11, n. 1, p. 155-161. Disponível em: <http://revista.cofen.gov.br/index.php/enfermagem/article/view/3590/819>. Acesso em: 08 jun. 2021.

NAVECA, F.; NASCIMENTO, V.; SOUZA, V.; CORADO, A.; NASCIMENTO, F. SILVA, G.; COSTA, A.; DUARTE, D. et al. Nota Técnica 2021/01 – Rede Genômica Fio Cruz. **Ministério da Saúde**. 2020. Disponível em: <https://portal.fiocruz.br/documento/nota-tecnica-2021/01-rede-genomica-fiocruz/ministerio-da-saude>. Acesso em: 01 de abr. 2021.

PARASKEVIS, D. et al. Full-genome evolutionary analysis of the novel corona virus (2019-nCoV) rejects the hypothesis of emergence as a result of a recent recombination event. **Infection, Genetics and Evolution**, 104212, 2020.

ROTHAN, H. A.; BYRAREDDY, S. N. The epidemiology and pathogenesis of coronavirus disease (COVID-19) outbreak. **Journal of autoimmunity**, v.109, p.102433, 2020.

SANTOS, K.M.R.; GALVÃO, M.H.R.; GOMES, S.M.; SOUZA, T.A.; MEDEIROS, A.A. et al. Depressão e ansiedade em profissionais de enfermagem durante a pandemia da covid-19. **Esc. Anna. Nery**. V. 25, 2021. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/ean/a/DfmDPNnHcwnVymcDsHDc6hp/?lang=pt>. Acesso em 01 de jun. 2021.

SANTOS, B.M.P. A face feminina na linha de frente contra a pandemia de COVID-19. **Nursing**. V. 275, p. 5480-5483, 2021. Disponível em: <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/biblio-1223594>. Acesso em 07 de jun. 2021.

SCHAECHER, S. R.; PEKOSZ, A. SARS Coronavirus Accessory Gene Expression and Function. **Molecular Biology of the SARS-Coronavirus**, 153–166, 2009

SJAARDA, C.P.; GUTHRIE, J.L.; MUBAREKA, S. et al. Temporal Dynamics and Evolution of SARS-CoV-2 Demonstrate the Necessity of Ongoing Viral Genome Sequencing in Ontario, Canada. **mSphere**. V. 6, p. 11-21, 2021.

Available in: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33952657/>. Accessed on 01 June 2021.

SOUZA, S.S.; CUNHA, A.C.; SUPPLICI, S.E.R.; ZAMPROGNA, K.M.; LAURINDO, D.L.P. Influência da cobertura da atenção básica no enfrentamento da COVID-19. **Journal Health NPEPS**. V. 6, p. 1-21, 202.

Disponível em:

<https://periodicos.unemat.br/index.php/jhnpeps/article/view/4994/3938>. Acesso em 01 de jun. 2021.

VOLZ, E.; BAGUELIN, M.; BHATIA, S. et al. Report 5: Phylogenetic analysis of SARS-CoV-2. **Imperial College London COVID-19 Response Team**. P. 1-8, 2020. Available in: <https://www.imperial.ac.uk/media/imperial-college/medicine/mrc-gida/2020-02-15-COVID19-Report-5.pdf>. Accessed on 01 June 2021.

WU, Z.; McGOOGAN J. M. Characteristics of and important lessons from the coronavirus disease 2019(COVID-19) outbreak in China: summary of a report of 72314 cases from the CHINESE CENTER FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION. *JAMA*. Published February24,2020.doi:10.1001/jama.2020.2648

WU, A. *et al.* Genome Composition and Divergence of the Novel Coronavirus (2019-nCoV) Originating in China. **Cell Host & Microbe**, 2020.

ZHANG, A.R.; SHI, W.Q.; LIU, K.; LI, X.L. et al. Epidemiology and evolution of Middle East respiratory syndrome coronavirus, 2012–2020. **Infectious Diseases of Poverty**. V. 10, 2021. Available in: <https://idpjournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40249-021-00853-0#citeas>. Accessed on 01 June 2021.

ZHU, N.; ZHANG, D., et al. A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. **N Engl J Med**. 2020.



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE CAMPINA GRANDE
UNIDADE ACADEMICA DE BIOLOGIA E QUIMICA - CES
Sítio Olho D'água da Bica, - Bairro Zona Rural, Cuité/PB, CEP 58175-000
Telefone: (83) 3372-1900
Site: <http://ces.ufcg.edu.br>

DECLARAÇÃO DE REVISÃO

Declaro para fins de comprovação, que o trabalho final do(a) aluno(a) Maria Eduarda Wanderley de Barros Silva, intitulado: **ANÁLISE FILOGENÉTICA COMPUTACIONAL DAS LINHAGENS DE SARS-Cov-2 E A ATUAÇÃO DO ENFERMEIRO FRENTE A PANDEMIA.**, foi por mim revisado sob o aspecto técnico. Sob o aspecto linguístico (Português e Inglês), a revisão foi feita pelo(a) professor(a) Igor Luiz Vieira de Lima Santos.



Documento assinado eletronicamente por **IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS, PROFESSOR 3 GRAU**, em 29/09/2021, às 21:54, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 8º, caput, da [Portaria SEI nº 002, de 25 de outubro de 2018](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://sei.ufcg.edu.br/autenticidade>, informando o código verificador **1809095** e o código CRC **0C84383E**.



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE CAMPINA GRANDE
UNIDADE ACADÊMICA DE BIOLOGIA E QUÍMICA - CES
Sítio Olho D'água da Bica, - Bairro Zona Rural, Cuité/PB, CEP 58175-000
Telefone: (83) 3372-1900
Site: <http://ces.ufcg.edu.br>

FICHA DE ACOMPANHAMENTO DO(A) ALUNO(A) A SER PREENCHIDA PELO ORIENTADOR

Título do Projeto:	ANÁLISE FILOGENÉTICA COMPUTACIONAL DAS LINHAGENS DE SARS-Cov-2 E A ATUAÇÃO DO ENFERMEIRO FRENTE A PANDEMIA.
Programa:	PIVIC
Orientador(a):	Igor Luiz Vieira de Lima Santos
Aluno(a):	Maria Eduarda Wanderley de Barros Silva
Centro:	CES
Unidade Acadêmica:	UABQ
Área:	Genética

1. A apreciação suscita do orientador(a) sobre o(a) aluno(a) (Iniciativa, Responsabilidade, Assiduidade e Criatividade):

A referida aluna cumpriu com todas as suas obrigações para o desenvolvimento do projeto.

2. Atividades do aluno(a):

Escrita, pesquisa e desenvolvimento do projeto.

3. Andamento do Projeto, de acordo com o cronograma proposto no Plano de Trabalho do(a) Aluno(a):

O programa do projeto e seu cronograma foram cumpridos.

4. Justificativa (no caso do não cumprimento ao Cronograma):



Documento assinado eletronicamente por **IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS, PROFESSOR 3 GRAU**, em 29/09/2021, às 21:59, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 8º, caput, da [Portaria SEI nº 002, de 25 de outubro de 2018](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://sei.ufcg.edu.br/autenticidade>, informando o código verificador **1809103** e o código CRC **3E78BBE5**.

Referência: Processo nº 23096.060216/2021-41

SEI nº 1809103