



## A PROPAGAÇÃO DE MUTAÇÕES GENÉTICAS VIRAIS EM UMA SOCIEDADE QUE NÃO SE IMUNIZA CONTRA O COVID-19

GISELLE CAMILA DO NASCIMENTO SILVA

### RESUMO

As mutações acontecem de forma espontânea ou devido a fatores químicos, físicos e biológicos em todos os organismos. Essas mutações se dividem em numéricas, estruturais e genéticas que podem alterar estruturas dos cromossomos, números de cromossomos e genes. Nesse contexto, em 2019 na China houve a aparição de um vírus mortal contagioso: SARS-COV-2. Esse vírus foi o resultado de mutações gênicas que provocaram o transbordamento zoonótico que, quando infectou humanos, tornou-se a doença do Covid-19, o que ocasionou uma pandemia mundial. Depois de estudos incansáveis e afastamento social, em 2021, vacinas foram aprovadas para conter tal contaminação desse vírus. No entanto, uma parte da sociedade resiste em se imunizar, podendo contribuir para surgimento de vírus cada vez mais resistentes. Por isso, esse trabalho teve o objetivo de realizar uma revisão bibliográfica visando a obtenção dos dados da sociedade sobre a vacinação e variantes desse vírus. Para tal, foi realizado levantamento de artigos científicos em ScienceDirect, Research, Society and Development, além dos sites da World Health Organization, Our World in, DataWorld Health Organization e Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística para obtenção de dados. Assim, como resultado, analisou-se no Brasil que entre 2021 e 2023, 80% da população brasileira se vacinou, assim, 20% da população ainda resiste em se vacinar. Além de que, as variantes ainda continuam circulando na sociedade e ainda há riscos delas se tornarem cada vez mais infecciosas, principalmente se as pessoas não se vacinarem, porque assim, o vírus se espalha mais facilmente.

**Palavras-chave:** Alterações gênicas; Variantes; Resistência à imunização; Sociedade; SARS-COV-2.

### 1 INTRODUÇÃO

O ácido desoxirribonucléico (DNA), que está presente em todos os organismos, é uma molécula composta por pares de bases nitrogenadas que se ligam através de pontes de hidrogênio, o que constitui o código genético da base da vida. Essa molécula se replica de maneira semiconservativa, ou seja, uma nova fita de DNA é adicionada à fita mais antiga. Desse modo, quando ocorrem erros na replicação, as bases de nucleotídeos- compostos por fosfato, açúcar e uma base nitrogenada- sofrem alterações, e então a sequência do DNA é capaz de mudar. Porém no DNA, as enzimas DNA polimerase revisam e consertam os erros da replicação e assim, as mutações têm um percentual mais baixo. Contudo, na molécula de RNA (ácido ribonucléico), que possui fita simples, podem ocorrer mais erros na sua replicação, pois nela há as RNA polimerases que não revisam o RNA. Esses erros são responsáveis por gerar as chamadas mutações, quando a sequência de genes se alteram.

As mutações podem acontecer em todos os organismos de forma espontânea ou por fatores químicos, físicos e biológicos (GONÇALVES; KARASAWA, 2021). Elas podem contribuir tanto para evolução e especiação quanto para a manifestação de síndromes, proliferação anormal de células- tumores e vírus cada vez mais mortais. Essas alterações se dividem em numéricas- que por sua vez significam alteração no número de cromossomos- estruturais - que são as mudanças nas estruturas dos cromossomos- e gênicas - que envolvem uma alteração no gene.

“As mutações gênicas são mudanças que ocorrem nos genes, de qualquer ser vivo, ou seja, é um procedimento pelo qual um gene sofre uma mudança estrutural. As mutações envolvem a adição, eliminação ou substituição de um ou poucos nucleotídeos (são compostos que carregam muita energia e que auxiliam nos processos metabólicos, atuam também em grande parte das células como sinais químico, respondendo assim a hormônios e outros estímulos extracelulares) da fita de DNA” (GALLI et. al, 2016, p.1).

Nesse sentido, o ano de 2019 trouxe um resultado de uma mutação que foi responsável pela morte e hospitalização de milhares de pessoas, o vírus da Covid-19. A Covid-19 teve sua origem na China em 2019, então se espalhou alarmantemente pelo mundo. Esta doença, possui como vírus o SARS-COV-2 ( Síndrome respiratória aguda grave coronavírus) proveniente de mutações que promoveram o transbordamento zoonótico, ou seja, o vírus deixou de ser transmitido em animais e passou a ser transmitido aos seres humanos, ocasionando a doença do Covid-19. De acordo com Lima, Sousa e Lima ( 2020, p. 2) o “ SARS- CoV-2 é responsável pelo terceiro surto de COV na história da humanidade”. Dessa maneira, evidencia o quanto o vírus da Covid-19 é contagioso e mortal.

Quando a proliferação Covid-19 se tornou incontrolável, medidas de afastamento e isolamento social foram tomadas para que o vírus contivesse sua contaminação. Desde então, os estudiosos, através de intenso estudo, buscaram desenvolver vacinas para interromper a disseminação do vírus. No Brasil, ano de 2021, foram aprovadas pela Agência Nacional de Vigilância Sanitária (Anvisa) muitas vacinas para combater o covid-19, mas até hoje, uma parte da sociedade hesita em se vacinar.

As variantes são capazes de surgir devido a contaminação exacerbada, o que a vacina, por sua vez, pode conter essa grande disseminação do vírus. Por isso, a propagação e entendimento sobre dados, as vacinas e riscos de mutações genéticas do vírus, devem ser expostos, como forma de reduzir a resistência à imunização, conforme o ato de ser instruído e informado sobre os benefícios à população e malefícios quando tal posição não é aceita. Dessa maneira, Oliveira et. al (2021) retrata que a Organização Mundial da Saúde afirma como a hesitação vacinal compromete a saúde e assim, está entre as ameaças na saúde da população.

Assim, diante da vivência em meio da pandemia global e a continuação de vacinação da população contra o coronavírus, torna-se de extrema importância a ser analisado e discutido os dados sobre os riscos de novas variantes e cepas que podem ser desenvolvidos a partir da não imunização de parte da sociedade, e suas possíveis consequências com o surgimento de mutações que podem transformar o vírus SARS-COV-2 em vírus ainda mais graves na humanidade.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Para esta pesquisa foi utilizada a metodologia de revisão bibliográfica acerca do alastramento do vírus SARS-COV-2 e os riscos de mutações genéticas em uma população que não se vacina contra a doença Covid-19, já que, o vírus se espalha mais facilmente em

pessoas não imunizadas. Para isso, foi necessário a busca de artigos científicos entre os anos de 2020 e 2023, nos sites ScienceDirect, Research, Society and Development, Periódicos Capes e Google Tradutor com as seguintes descritores: “Covid 19”; “Mutaç o viral”; “Alteraç o gen tica”; “Variantes do covid”. Al m disso, a obtenç o dos dados foram coletados em World Health Organization, Our World in Data, World Health Organization e Instituto Brasileiro de Geografia e Estat stica. Todos os artigos e dados foram escolhidos a partir da leitura minuciosa, começando primeiro pelo t tulo, seguido de resumo at  o fim. Assim, os artigos e sites que foram escolhidos tiveram as informaç es necess rias para a construç o do artigo.

### 3 RESULTADOS E DISCUSS O

Entre 2020 e 2021, muitas variantes começaram a se desenvolver, pois a transmiss o do v rus estava acontecendo de maneira acelerada. Mas quando houve o in cio da vacinaç o, com o intuito de reduzir a propagaç o do v rus, a transmiss o foi se reduzindo. Segundo a OMS (Organizaç o Mundial da Sa de), a vacinaç o no Brasil começou dia 17/01/2021. O site Our World in Data, para obtenç o de dados sobre imunizaç o no Brasil, destacou que a porcentagem da populaç o brasileira totalmente vacinada foi de 55%, e pessoas que receberam pelo menos a primeira dose   de 19 % at  dia 27 de outubro de 2021. Nesse sentido, cerca de 26% da sociedade brasileira ainda n o tinha se imunizado. Atualmente, segundo a OMS, no Brasil, 170.557.580 pessoas est o totalmente vacinadas, por m segundo o IBGE, em seu  ltimo senso - 1 de julho de 2021-, h  213,3 milh es de pessoas no Brasil, sendo assim, 42.742.420 pessoas ainda n o se imunizaram contra essa doenç , ficando aproximadamente 20% da populaç o. Diante disso, somente foi reduzido em 6% o n mero de pessoas vacinadas, em relaç o de 2021 a 2023. Essa porcentagem restante, influencia na proliferaç o do v rus e nos riscos de gerar mais mutaç es.

“O debate sobre a hesitaç o vacinal (a relut ncia, indecis o ou recusa em se vacinar, apesar da disponibilidade de vacinas nos serviç os de sa de) tem crescido em todo o mundo, tornando-se quest o central para os programas de imunizaç o devido   ameaça global que representa a revers o do progresso feito no combate  s doenç s imunopreven veis” (OLIVEIRA et. al, 2021, p.2)

Sendo assim, a sociedade possui diversos dilemas que enfatizam a n o realizaç o da imunizaç o contra o v rus. Com isso, Oliveira et. al (2021, p.10) afirma que “com o desenvolvimento de m ltiplas vacinas com efic cia e segurança comprovadas, o principal desafio relacionado   resposta COVID 19   garantir a imunizaç o em massa oportuna.” Nessa perspectiva, a resist ncia da vacina diante de uma parte da sociedade segundo Oliveira et al (2021, p. 9 ) apud Silva Filho et. al (2021, p. 9) possuem tr s etapas que influenciam na hesitaç o da vacinaç o contra o coronav rus:

“A primeira   a falta de confiança na efic cia, na segurança, no sistema de sa de que disponibiliza as vacinas ou nas motivaç es dos gestores e formuladores de pol ticas para recomend -las, por segundo a complac ncia, onde observa-se uma pequena percepç o do risco de adquirir doenç s imunopreven veis, a partir disso pressup em que a vacinaç o n o seria necess ria e por terceiro a falta de conveni ncia, visando assim, a disponibilidade, acessibilidade e o apelo dos serviç os de imunizaç o, incluindo tempo, lugar, idioma e contextos culturais” ( OLIVEIRA et. al, 2021 apud SILVA FILHO et. al, 2021 p. 9-9)

Al m disso, o SARS-COV-2 provavelmente n o foi desenvolvido em laborat rio, mas foi o resultado de transbordamento zoon tico, que por sua vez, poderia ocorrer

novamente(LIMA; SOUSA; LIMA, 2020). Por isso, seria de extrema importância compreender inteiramente o vírus, a partir dos aspectos dos genes que demonstram o modo de infecção, transmissão do vírus, e vírus infectantes de animais.

O SARS-CoV-2 é um vírus envolvido por um envelope, que contém ácido ribonucléico (RNA) de fita simples positivo e possui cerca de 30.000 pares de bases (MICHELON, 2021). Dessa maneira, quando há o RNA inserido no genoma, as alterações genéticas se tornam constantes. Dessa forma, Michelon (2021, p. 1) retrata que “um pequeno número de mutações pode fornecer novas propriedades químicas às proteínas virais, resultando em mudanças na forma como o vírus se comporta nas infecções”. Assim, é evidente que as alterações proporcionam a modificação de propriedades de proteínas que ocasionam o quanto o vírus pode se manifestar.

As mutações acontecem espontaneamente, por fatores físicos, químicos e biológicos (GONÇALVES; KARASAWA, 2021). Como descrito por (GALLI, 2016) as alterações genéticas ou mutações genéticas, são originadas a partir de uma mudança na estrutura de um gene, quando há erros nos pares de bases nitrogenadas na divisão celular. Ao analisar receptores, mutações em proteínas e clivagem polibásica há como relacionar com a proliferação e transmissão do vírus (SILVA; FREIRE; MELO 2020). Nesse contexto, os processos de mutações genéticas favorecem o desempenho do vírus diante do contágio, quando as proteínas do vírus sofrem alterações nas características químicas. (MICHELON, 2021).

Desde a identificação do vírus até o ano 2021, a partir da análise de mais de 845 mil sequências genômicas, foram identificadas muitas linhagens e elas foram nomeadas e separadas em VOC( variante de preocupação), VOI (variante de interesse) e VUM (variantes sob monitoramento (RODRIGUES, 2023). As VUM, ocorreram alterações genéticas, mas ainda está sendo monitorada, as VOI apresentam alterações genéticas que aumentam a transmissão e as VOC “ são aquelas que possuem evidências que as alterações no seu genoma estão associadas a um aumento da transmissibilidade, da virulência, da apresentação clínica ou da evasão imune” Rodrigues ( 2023, p. 15). De acordo com Michelon (202, p.110), as linhagens que circularam o Brasil entre 2020 e 2021 foram “ quatro VOC e duas VOI, das sete variantes classificadas pela Organização Mundial da Saúde”. A OMS afirmou que as variantes VOC foram: Alfa, Beta, Gama e Delta, sendo a alfa a mais fatal e as VOI Epsilon, Zeta, Eta, Teta, Iota, Kapa e Lambda. Algumas delas foram originadas no Brasil.

A OMS, em sua declaração em março de 2023, o SARS-COV-2 continua a se desenvolver e pode surgir muitas variantes consideradas preocupantes (VOC). A ômicron é a VOC mais atual, por exemplo, ela é considerada geneticamente diferente, e tem mais de 50 mutações em seu genoma ( RODRIGUES, 2023). Ela continua a desenvolver e já causou muitas mortes, pois também atinge o sistema respiratório. A ômicron possui variantes e subvariantes. Especula-se que suas sub variantes, por terem 98% de seu RNA amostral sequenciado, que outras VOC evoluam, além de que VOC que já são disseminadas dar início a circulação de outras delas, como as variantes que se derivam de COVs (OMS, 2023).

As mudanças nas propriedades químicas do vírus, causadas por mutações, podem influenciar no seu comportamento. Portanto, quando pessoas hesitam em se vacinar, os vírus podem sofrer mutações genéticas, e então evoluir ao serem selecionadas naturalmente (MICHELON, 2021). A partir dessa informação, Michelon (2021, p.1) afirma que “Desde o início da pandemia de COVID-19, análises genéticas do SARS-CoV-2 em diversos países e em diferentes tempos revelaram que o vírus sofreu diversas mutações”. Nesse sentido, os vírus se alteram mais rapidamente devido ao seu RNA, dessa maneira podem se desenvolver mais fortemente, se transformar em cepa e resistir a vacinas.

#### 4 CONCLUSÃO

Mediante a essa capacidade do vírus se espalhar e a probabilidade de cada vez mais variantes se desenvolverem, aliado à falta da imunização total da sociedade devido a fatores que influenciam nessa decisão, torna-se necessário a abordagem das mutações genéticas e sua relação com a imunização, tendo em vista as ameaças futuras. Portanto, é significativo a leitura dos dados para que haja melhores informações e entendimento sobre os riscos de mutações do vírus do Covid-19. Assim, haverá a possibilidade de reduzir os fatores que contribuem para a hesitação na sociedade.

## REFERÊNCIAS

GALLI DÉBORA, V et al. “Mutação gênica: concepções e suas implicações no sujeito”. Mostra Interativa da Produção Estudantil em Educação Científica e Tecnológica. Relatório Técnico-científico. n2, 2016. Disponível em: <<https://www.publicacoeseventos.unijui.edu.br/index.php/moeducitec/article/view/7492>>. Acesso: 01 nov. 2021

GONÇALVES TIAGO, M; KARASAWA MARINES, M. G. Muta-ção: A proposta de um jogo lúdico sobre mutações e síndromes genéticas nas disciplinas de Biologia Molecular e Genética Clássica. **Arquivos do Mudi**, v. 25, n.1,p. 44-65, ano 2021. Disponível em: <<https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ArqMudi/article/view/56371/751375151927>> . Acesso em: 31 out. 2021

IBGE- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Censo Brasileiro de 2021**. Rio de Janeiro: IBGE, 2021

LIMA L, N.; SOUZA MAÍSA, S; LIMA KARLA, V. As descobertas genômicas do Sars-CoV- 2 e suas implicações na pandemia de covid-19. **J Health Biol Sci**. 2020 **J**; 8(1):1-9. DOI: <http://dx.doi.org/10.12662/2317-3076jhbs.v8i1.3232.p1-9.2020>. Disponível em: <<https://periodicos.unichristus.edu.br/jhbs/article/view/3232>>. Acesso em: 30 out. 2021.

MICHELON, Cleonice. **Variantes do Sars-cov-2: Devemos nos preocupar?** 2021. Departamento de Análises Clínicas- Curso de Farmácia, Universidade Federal de Santa Catarina, Santa Catarina, 2021. Disponível em: <<https://www.sbac.org.br/wp-content/uploads/2021/02/Variantes-do-SARS-CoV-2-Texto-3-ve rs%C3%A3o-09.02-2.pdf>>. Acesso em: 31 out. 2021

OLIVEIRA, B. L. C. A. de; CAMPOS, M. A. G.; QUEIROZ, R. C. de S.; BRITTO E ALVES, M. T. S. S. de; SOUZA, B. F. de; SANTOS, A. M. dos; SILVA, A. A. M. da. Prevalence and factors associated with covid-19 vaccine hesitancy in Maranhão, Brazil. **Revista de Saúde Pública**, [S. l.], v. 55, p. 12, 2021. DOI: 10.11606/s1518-8787.2021055003417. Disponível em: <https://www.revistas.usp.br/rsp/article/view/184862>. Acesso em: 1 nov. 2021.

OMS. Global research on coronavirus disease (COVID-19). World Health Organization. Disponível em: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/global-research-on-novel-coronavirus-2019-ncov>. Acesso em: 20 de maio de 2023.

RITCHIE, Hannah; MATHIEU Edouard; RODÉS-GUIRAO, Lucas; APPEL, Cameron; GIATTINO, Charlie; ORTIZ-OSPINA, Esteban; HASELL, Joe; MACDONALD, Bobbie;

BELTEKIAN, Diana; ROSER Max. Coronavirus Pandemic (COVID-19). **OurWorldInData.org**. 2020. Disponível em: <<https://ourworldindata.org/coronavirus>>. Acesso em: 01 nov. 2021

RODRIGUES, Grazielle Motta. Variantes de preocupação do SARS-CoV-2: identificação presuntiva por sequenciamento de Sanger da região do domínio de ligação ao receptor do gene S para vigilância genômica viral no Hospital de Clínicas de Porto Alegre. 2023.

SILVA FILHO, P. S. da P. .; SILVA, M. J. de S. .; FORTES JÚNIOR, E. J. .; ROCHA, M. M. L. .; ARAUJO, I. A. .; CARVALHO, I. C. S. de .; ESPERANDIO, J. V. M. .; VASCONCELOS, A. C. A. B.; POMPEU, J. G. F. .; CAMPELO, V. E. S. .; SILVEIRA FILHO, E. R. da .; PAIVA, M. L. R. de .; CARVALHO, A. M. .; GUEDES, J. J. S. .; RODRIGUES, I. C. D. S. J. .; VALENTE, V. da S. .; PIRES, A. S. de S.; MESQUITA, G. V. . Coronavirus vaccines (COVID-19; SARS-COV-2) in Brazil: an overview. **Research, Society and Development**, [S. l.], v. 10, n. 8, p. e26310817189, 2021. DOI: 10.33448/rsd-v10i8.17189. Disponível em: <<https://rsdjournal.org/index.php/rsd/article/view/17189>>. Acesso em: 05 março. 2023

SILVA SOUZA, K. .; FREIRE DA SILVA, M. R. .; MELO DE OLIVEIRA, M. B. Principais mutações genéticas do Sars-Cov-2 que favorecem sua transmissibilidade. **Revista Multidisciplinar de Educação e Meio Ambiente**, [S. l.], v. 1, n. 1, p. 156, 2020. Disponível em: <<https://editoraime.com.br/revistas/index.php/rema/article/view/306>>. Acesso em: 30 out. 2021.

World Health Organization. Updated working definitions and primary actions for SARS-CoV-2 variants, 15 March 2023. 15 de março de 2023. (Disponível em <https://www.who.int/publications/m/item/updated-working-definitions-and-primary-actions-for-sars-cov-2-variants>).

World Health Organization. Statement on the update of WHO's working definitions and tracking system for SARS-CoV-2 variants of concern and variants of interest. 16 de março de 2023. (Disponível em <https://www.who.int/news/item/16-03-2023-statement-on-the-update-of-who-s-working-definitions-and-tracking-system-for-sars-cov-2-variants-of-concern-and-variants-of-interest>).