



ORIGEM DO SARS-COV-2 SOB A PERSPECTIVA DA BIOINFORMÁTICA

JUAN PHILIPPE TEIXEIRA

Introdução: Desde o início da pandemia de COVID-19, surgiram diversas teorias sobre a origem do SARS-CoV-2. Entre as principais hipóteses estão a origem zoonótica direta, a transferência por hospedeiro intermediário e a origem artificial em laboratório. Este trabalho explora essas hipóteses utilizando ferramentas bioinformáticas, com foco especial na proteína Spike (S) do vírus, fundamental para sua capacidade de infectar células humanas. **Objetivos:** Avaliar a origem do SARS-CoV-2 através da análise genômica e estrutural da proteína Spike, com foco em mutações específicas que possam indicar adaptação ou manipulação. **Materiais e Métodos:** Sequências do RNA do SARS-CoV-2 e de vírus correlatos, como o RaTG13, foram obtidas do NCBI. Para comparação entre genomas, utilizou-se o MSA Viewer do NCBI para alinhamentos múltiplos de sequências (MSA). Ferramentas de análise filogenética foram aplicadas para traçar a evolução do SARS-CoV-2. A análise focou na inserção de quatro aminoácidos (PRRA) na proteína Spike, criando um sítio de clivagem para a furina, um fator importante para a infectividade do vírus. **Resultados e Discussão:** A comparação entre o genoma do SARS-CoV-2 e o do RaTG13 revelou a presença do sítio de clivagem da furina, ausente em outros coronavírus próximos, sugerindo adaptação para maior transmissibilidade. Embora a análise atual suporte a hipótese da "Transferência Zoonótica Direta," a hipótese do "Hospedeiro Intermediário" também é relevante. No caso do SARS-CoV-1, inicialmente acreditou-se na transmissão direta de morcegos para humanos, mas evidências posteriores sugeriram que as civetas atuaram como intermediárias. Similarmente, no surto de MERS-CoV, tanto a transmissão direta de morcegos quanto a via camelos foram consideradas possíveis. **Conclusão:** A análise bioinformática da proteína Spike do SARS-CoV-2 e sua comparação com vírus correlatos forneceu dados importantes sobre a origem do vírus. A presença do sítio de clivagem da furina, ausente em coronavírus próximos, pode indicar adaptação para facilitar a transmissão. No entanto, para uma conclusão definitiva sobre a origem do SARS-CoV-2, mais estudos são necessários. Até o momento, é mais provável que o SARS-CoV-2 tenha se originado de um hospedeiro intermediário, semelhante a outros coronavírus, embora a possibilidade de uma origem zoonótica direta ainda não possa ser descartada.

Palavras-chave: Sars-cov-2, Proteína spike, Bioinformática, Prara, Origem zoonótica.