



CENTRO UNIVERSITÁRIO DE BRASÍLIA

Christianini Rodor de Araújo Gonçalves

O CORONAVIRUS E SUAS VARIANTES

**Brasília-DF
2021**

Christianini Rodor de Araújo Gonçalves

O CORONAVIRUS E SUAS VARIANTES

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao UNICEUB como requisito
para a obtenção do título de licenciada em
Ciências Biológicas, sob orientação da
Prof. Dra Maria Creuza Barros.

**Brasília-DF
2021**

INTRODUÇÃO

Uma doença foi trazida à atenção no mundo inteiro nos anos recentes, causada por um vírus da família Coronaviridae, que causa infecções no sistema respiratório, e que causa nas pessoas a doença chamada de COVID-19. Este não é um vírus recente, pois existem relatos de sua existência em humanos por volta de 1937, mas a sua descrição como coronavírus só foi feita a partir de 1965 com o uso de microscopia eletrônica, por causa de sua semelhança com uma coroa (MACEDO; ORNELAS; BONFIM, 2020).

Na pandemia atual, o novo agente SARS CoV2 foi descrito no final de 2019 na China, na cidade de Wuhan, que fica na província de Hubei. Quando tudo se iniciou, o problema foi relacionado com um mercado de animais e frutos do mar. Depois de 30 dias, registraram-se cerca de 12 mil casos na China com algumas mortes, mas a doença se espalhou para outros países, e a partir de janeiro de 2020 a Organização Mundial de Saúde (OMS) declarou Estado de Emergência em Saúde Pública de Importância Internacional, tendo sido a pandemia decretada em 11 de março de 2020 (CAVALCANTE et al, 2020).

Porsse et al (2020) destacam que o surgimento e estabelecimento da pandemia causada pela COVID-19 têm causado danos irreparáveis a todos os setores do planeta, destacando-se a área econômica, educacional, com milhares de empresas que foram fechadas e escolas que precisaram se ajustar a novas modalidades de ensino. Mais do que isso, o registro de um número considerável de mortes em especial pela falta de uma vacina disponível para uso.

Atualmente existem mais de 220 milhões de casos relatados no mundo inteiro, com quase 5 milhões de mortos e 197 milhões de recuperados da COVID-19, mas é preciso que se cuide das novas variantes que têm surgido em várias partes do mundo (PEREIRA et al, 2021).

Trata-se de um assunto de interesse acadêmico, sendo ensinada a partir do Ensino Fundamental, na disciplina de Ciências, e no Ensino Médio, na disciplina de Biologia, sendo um tema associado a doenças e epidemias. Por causa das repetidas campanhas de vacinação contra diversas doenças, como a H1N1, a dengue, a febre amarela, para se mencionar apenas algumas destas, este se torna um tema em evidência (HERMEL; RICHTER; MARTINS, 2018).

E essa é uma temática importante nos aspectos educacionais, pois por meio de pesquisas acerca do tema, pode-se compreender a visão dos alunos sobre o assunto, fornecendo propostas de ensino, mas ao mesmo tempo, percebendo-se a possibilidade de realização de proposições didáticas elaboradas por e para educadores de modo que a temática seja trabalhada na perspectiva de Educação em Saúde (MONTALVÃO NETTO; DELLA JUSTINA, 2021).

Com base nas informações aqui apresentadas, de acordo com os seus autores, este trabalho de conclusão de curso escolheu responder de que forma as variantes do coronavírus podem trazer grandes problemas para a sociedade humana, causando um número elevado de mortes. Nos aspectos metodológicos, este trabalho é de natureza qualitativa, que busca entender algum fenômeno, com base em livros e artigos publicados entre 2015 e 2021, nos idiomas inglês, espanhol e português. Após realização de estudo nas obras de referência, será elaborado um referencial teórico que permitirá que seus leitores cheguem à sua própria conclusão após a leitura do texto.

O trabalho teve como objetivo fazer uma revisão bibliográfica sobre o coronavírus, causador da COVID-19, e suas variantes, e a importância da vacina como agente controlador do desenvolvimento do vírus. Os objetivos específicos destacarão as variantes provindas de vários países, existente no contexto mundial, e também destaque para as variantes existentes no Brasil, principalmente a P1, a Delta, que apresentam grandes riscos à população.

1. BREVE VISÃO SOBRE A COVID-19 (SARS-COV-2)

Pela terceira vez em tantas décadas, um coronavírus zoonótico cruzou espécies para infectar populações humanas. Este vírus, provisoriamente denominado 2019-nCoV, foi identificado pela primeira vez em Wuhan, China, em pessoas expostas a frutos do mar ou mercado úmido. A rápida resposta das comunidades chinesas de saúde pública, clínica e científica facilitou o reconhecimento da doença clínica e a compreensão inicial da epidemiologia da infecção (PEDERSEN; HO, 2020).

Os primeiros relatos indicavam que a transmissão de pessoa para pessoa era limitada ou inexistente, mas ao longo do desenvolvimento da pandemia ficou claro

que essa era a realidade da transmissão entre pessoas. Como os surtos causados por dois outros coronavírus respiratórios humanos patogênicos (coronavírus da síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV) e coronavírus da síndrome respiratória do Oriente Médio (MERS-CoV), o 2019-nCoV causa doença respiratória que costuma ser grave (PEREIRA et al, 2020).

Embora a doença COVID-19 (sigla para Coronavirus disease, doença causada por coronavírus) tenha afetado mais de 20 milhões de casos em todo o mundo, grandes lacunas permanecem no conhecimento da patogênese da síndrome respiratória aguda grave do coronavírus 2 (SARS-CoV-2), incluindo a relação entre os níveis de replicação viral e a gravidade da doença. A necessidade de estudos adicionais do vírus SARS-CoV-2 não se limita apenas às amostras respiratórias, mas se estende a complicações no sistema circulatório. A insuficiência respiratória é a principal causa de morte em pacientes com COVID-19, mas complicações decorrentes de uma resposta imune hiperativa e danos vasculares também são proeminentes nos sistemas pulmonar e extrapulmonar (PEREIRA et al, 2020).

Além disso, há uma sugestão de que a viremia plasmática detectável usando um ensaio de detecção viral qualitativo pode se correlacionar com a gravidade da doença, embora os estudos até o momento tenham sido dificultados pela falta de quantificação da carga viral. Juntos, esses achados sugerem a importância da circulação viral sistêmica do SARS-CoV-2, mas pouco se sabe sobre a prevalência e a magnitude da viremia plasmática na previsão dos resultados do COVID-19 (SENHORAS, 2020).

O SARS-CoV-2 causa pneumonia aguda altamente letal com sintomas clínicos semelhantes aos relatados para SARS-CoV e MERS-CoV.2. Com base na evidência de primeira mão dos hospitais locais de Wuhan, os sintomas comuns de COVID-19 são febre e tosse seca no início da doença. No entanto, o sintoma mais característico dos pacientes é dificuldade respiratória. Sabe-se agora que os CoVs nem sempre estão confinados ao trato respiratório e que também podem invadir o sistema nervoso central, induzindo doenças neurológicas (VELAVAN; MEYER, 2020).

2. VARIANTES DO CORONAVIRUS NO CONTEXTO MUNDIAL

Os coronavírus são grandes vírus de RNA de fita simples, positivos, que infectam humanos, mas também uma grande variedade de animais. Com base em sua morfologia como vírions esféricos com uma concha central e projeções de superfície semelhantes a uma coroa solar, eles foram chamados de coronavírus (latim: corona = coroa). Existem quatro subfamílias, nomeadamente alfa, beta, gama e delta-coronavírus. Enquanto os coronavírus alfa e beta aparentemente se originam de mamíferos, em particular de morcegos, os vírus gama e delta se originam de porcos e pássaros (FREITAS; GIOVANETTI; ALCÂNTARA, 2021).

Sobre essas variantes, estudos de Fiúza et al (2021, p.12) informam que a primeira mutação importante do SARS-CoV-2 ocorreu no gene decodificador da proteína Spike em D614G, no início de 2020, mediante substituição do ácido aspártico pela glicina na posição 614, tornando o vírus mais infeccioso e com uma maior afinidade com o receptor ACE2 (enzima conversora de angiotensina 2). Essa nova variante substituiu a variante parental D614, se espalhou globalmente e se tornou a variante dominante da pandemia.

As variantes de preocupação passarão a ser chamadas: Alpha (B.1.1.7 – Reino Unido), Beta (B.1.351 – África do Sul), Gamma (P.1–Brasil) e Delta (B.1.617.2 – Índia). E dentre as variantes de interesse: Epsilon (B.1.427/B.1.429 – Estados Unidos), Zeta (P.2 – Brasil), Eta (B.1.525 – Reino Unido e Nigéria), Theta (P.3 – Filipinas), Iota (B.1.526 – Estados Unidos), Kappa (B.1.617.1 – Índia) e Lambda (C.37 – Peru), e esses nomes passaram a ser adotados porque antes havia a associação da variante com o nome do país (FIUZA et al, 2021, p.13).

Ferreira et al (2021) destacam que a variante de interesse (VOI) é aquela com marcadores genéticos específicos que foram associados a alterações na ligação ao receptor, neutralização reduzida por anticorpos gerados contra infecção ou vacinação anterior, eficácia reduzida de tratamentos, impacto diagnóstico potencial ou aumento previsto na transmissibilidade ou gravidade da doença, enquanto que a variante de preocupação (VOC) é aquela para a qual há evidência de um aumento na transmissibilidade, doença mais grave (por exemplo, aumento de hospitalizações ou mortes), redução significativa na neutralização por anticorpos gerados durante

infecção ou vacinação anterior, eficácia reduzida de tratamentos ou vacinas ou falhas de detecção de diagnóstico.

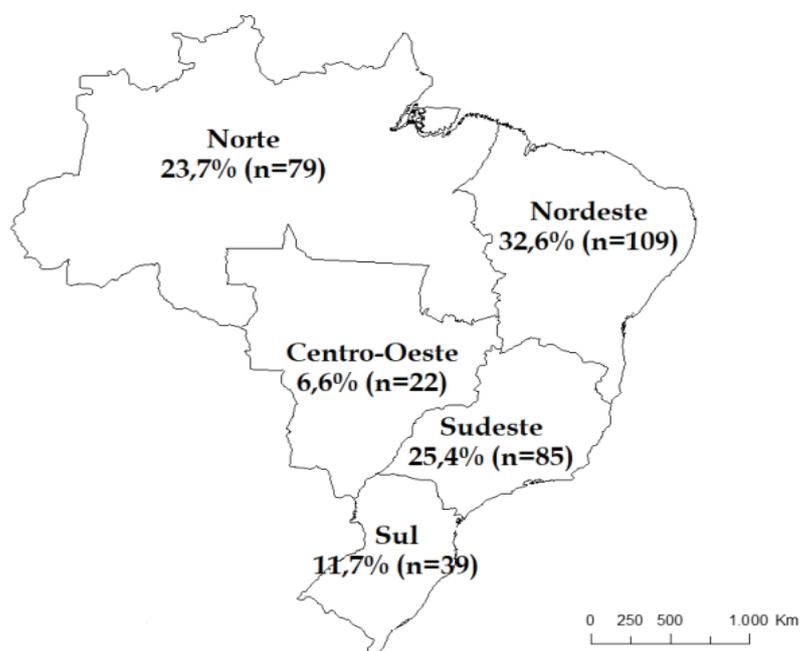
Estas variantes são consideradas preocupantes pela presença de um conjunto de mutações que têm levado ao aumento da transmissibilidade e ao agravamento das situações epidemiológicas nas áreas onde se instalaram recentemente. Apesar de terem origens diferentes, elas compartilham uma constelação de mutações, o que reforça a possibilidade de que essas mutações ofereçam vantagens competitivas relevantes (CRUZ; LIMA; PEREIRA, 2021).

Estudos de Freitas, Giovanetti e Alcântara (2021) sobre variantes apontam que, em 14 de dezembro de 2020, a Organização Mundial de Saúde foi notificada por autoridades do reino Unido acerca da variante B.1.1.7, que traz consigo 14 mutações definidoras, incluindo sete na proteína S. A mutação N501Y está incluída entre essas sete mutações, e ela está associada à maior afinidade do vírus pelo receptor ACE-2, o que pode explicar sua rápida expansão.

Echevarria (2021) fala sobre a variante VUI-202012/01, que pertence a uma linha SARS-CoV-2 (linha B.1.1.7) que foi detectada pela primeira vez em setembro. É caracterizada por uma coleção de mutações que parecem ter sido fixadas em um espaço de tempo razoavelmente curto e que inclui mudanças na sequência que codifica a proteína spike (duas deleções de seis transições de aminoácidos). É muito incomum que ocorra com um vírus como o SARS-CoV-2, mas sabe-se de outros casos que ocorre com mais frequência de infecções anormalmente longas que ao mesmo tempo ocorrem em pacientes imunossuprimidos, que também são observados com este vírus.

Benito et al (2021), abordando as variantes que causam preocupação no Brasil, destaca que, após análise de variantes no Brasil, identificou-se que a maior preponderância foi a da VOV P.1 (89,5%), e a “VOC B.1.1.7” a menor com 10,5%. Referente à maior frequência de variantes de atenção do COVID-19 por unidades federativas (UF), verificou-se que na Paraíba registrou-se a maior preponderância com 20,7% (n=69) e a menor preponderância, empatadas cada um com um registro, foram encontrados o Maranhão (MA), o Piauí (PI), Sergipe (SE) e Tocantins (TO) que registraram respectivamente 0,3%.

Figura 1: Distribuição dos casos registrados de variantes de atenção VOV P.1 e VOC B.1.1.7, segundo as regiões no Brasil, até a semana epidemiológica 8*(n=334):



Fonte: Benito et al (2021)

Marquitti et al (2021), abordando as variantes atuais da COVID-19 no Brasil, afirmam que a variante P.1 representa o dobro da transmissibilidade do que a linhagem parental ao estimarem o número de reprodução efetiva (R_e) em 2,2. Em análise do volume de hospitalizações desde o aparecimento da variante (novembro 2020) e a quantidade maior de variantes que surgiram de forma sequencial, encontrou-se um nível de transmissão de 2,6, com 28% dos casos de reinfecção desde que a referida variante surgiu, e então, conclui-se que a transmissibilidade da variante P.1 é de fato elevada, assim como a sua magnitude.

Também vale ressaltar que a cepa brasileira P.2, portadora da mutação E484K, identificada pela primeira vez em outubro de 2020, já era a mais prevalente entre as cepas sequenciadas de pacientes que desenvolveram sintomas em novembro no estado do Rio de Janeiro, também no Brasil. Analisando os dados da Rede Genômica da Fiocruz, que reúne pesquisadores de diversos institutos da Fundação Oswaldo Cruz, constatou-se que desde o início do surgimento das cepas P.1 e P.2 em outubro de 2020, em apenas 4 meses essas cepas corresponderam juntas a 75% de todas as cepas sequenciadas em todo o Brasil. Na cidade de Manaus, essas duas cepas juntas corresponderam a 97,8% das amostras de vírus sequenciadas em janeiro de 2021 (FREITAS; GIOVANETTI; ALCÂNTARA, 2021).

Quanto à variante Delta, Mora et al (2021) especificam que a mesma foi identificada no mês de outubro de 2020 na Índia, a partir de abril do ano de 2021 passou a ser considerada motivo de interesse, e desde maio de 2021 se tornou um motivo de preocupação. Mora et al destacam que a variante foi descrita em 84 países, na região das Américas foi relatado nos EUA (52 estados), Canadá, México, Brasil, Argentina, Peru e Chile, e, de acordo com dados do GISAID, até 4 de julho de 2021, mais de 111 mil amostras sequenciadas dessa variante foram detectadas em todo o mundo (MORA et al, 2021).

Ainda segundo Mora et al (2021), a variante SARS-CoV-2 Delta (B.1.617.2) tem o poder de transmissão 40-60% a mais do que a Alfa (B.1.1.7), e pode representar um risco aumentado de hospitalização. Adicionalmente, as pessoas que foram vacinadas apenas parcialmente poderão estar menos protegidas, independentemente da plataforma utilizada (mRNA ou vetor viral).

Outra variante mais moderna, conhecida como Mu, é a quinta variante de interesse a ser monitorada pela Organização Mundial de Saúde desde 2020, e ela possui uma constelação de mutações, que podem ser mais resistentes a vacinas. E o problema é que, segundo Uriu et al (2021), as vacinas treinam o corpo para reconhecer essa proteína de pico e levar o sistema imunológico para produzir anticorpos para combatê-lo. Algumas das drogas autorizadas a tratar a Covid-19, conhecidas como anticorpos monoclonais, funcionam de forma semelhante: elas se ligam à proteína de pico e ajudam a impedir que o vírus invada as células. Quaisquer mutações na proteína de pico poderiam afetar a capacidade dos anticorpos para fazer o seu trabalho.

Para avaliar a sensibilidade da variante MU a anticorpos induzida pela infecção e vacinação por SARS Cov-2, foram gerados pseudovírus abrangendo as proteínas Spike 64 de mu ou a outra variante de preocupação (VOC). Os ensaios de neutralização do vírus revelaram que a variante de 65 mu é de 12,4 vezes mais resistente a soros de oito convalescentes da Covid-19, mas a variante Mu é apenas variante de interesse no Brasil (URIU et al, 2021).

Mais recentemente em 2021, surgiu uma nova variante de preocupação para o SARS-CoV-2, chamada de Ômicron, cujos efeitos sobre a evolução da pandemia parecem incertos. No entanto, começaram a surgir evidências sobre o comportamento viral em termos de sua transmissibilidade, ligação do receptor na

célula hospedeira e fuga do sistema imunológico, e tal variante está em estudo pela medicina mundial (ESPINOZA et al, 2021).

3. A VACINA COMO SOLUÇÃO PARA O CONTROLE DO CORONAVIRUS

A vacinação em massa contra a SARS-Cov-2 começou na Europa no final de 2020 e início de 2021, e traz esperança que a pandemia da Covid-19 possa ser levada ao fim em 2021. Mesmo que os progressos em direção a este objetivo pareçam estar no caminho certo, muitos governos na Europa continuam a limitar as atividades socioeconômicas para controlar a pandemia. Apesar dos cronogramas de vacinação nacionais elaborados, não está claro quando e quais medidas de controle podem ser relaxadas e em que ponto o controle da pandemia será alcançado durante o programa de vacinação (DOMINGUES, 2021).

Domingues (2021) destaca ainda que a compreensão de como as políticas de relaxamento pode afetar a dinâmica de transmissão da SARS-Cov-2 é, além disso, dificultada pelo surgimento de novas variantes que possuem uma vantagem seletiva, como o aumento da transmissibilidade ou a capacidade de reduzir a neutralização rápida pelo hospedeiro.

Existem mais vacinas candidatas simultaneamente em andamento para COVID-19 do que antes para uma doença infecciosa. Todas elas estão buscando alcançar o mesmo objetivo - imunidade ao vírus, e algumas também podem ser capazes de interromper a transmissão. Elas fazem isso estimulando uma resposta imunológica a um antígeno, uma molécula encontrada no vírus. No caso do COVID-19, o antígeno é normalmente a proteína *spike*, característica encontrada na superfície do vírus, que normalmente usa para ajudá-lo a invadir células humanas (SOUZA; BUS, 2021).

Entre as vacinas existentes estão as clássicas, das quais fazem parte as de vírus atenuado, as de subunidades e partículas semelhantes a vírus (VLPs); ou de Próxima-Geração, que contemplam as vacinas de vetor viral e nucleicas (DNA e RNA). Para que se chegue à ideal, são necessários cuidados distintos, mesmo porque a SARS-CoV-2 é uma necessidade urgente. Deve haver segurança até mesmo para aqueles imunocomprometidos, com alta eficácia e excelente

estabilidade térmica, que não apresente toxicidade e que ofereça proteção em longo prazo (SILVA; ALMEIDA, 2021).

Sobre tais vacinas, esclarece Nandanovski (2021) que as vacinas de mRNA contêm material do vírus que causa o COVID-19, que dá às células instruções sobre como fazer uma proteína inofensiva que é exclusiva do vírus. Depois que as células fazem cópias da proteína, elas destroem o material genético da vacina. O corpo humano reconhece que a proteína não deveria estar lá e constrói linfócitos T e linfócitos B, que se lembrarão de como combater o vírus que causa COVID-19, caso haja uma infecção futura.

O autor também informa que as vacinas de vetor contêm uma versão modificada de um vírus diferente daquele que causa COVID-19. Dentro da casca do vírus modificado, há material do vírus que causa o COVID-19, conhecido como vetor viral. Assim que o vetor viral está dentro das células, o material genético fornece instruções para produzir uma proteína exclusiva do vírus que causa o COVID-19. Usando essas instruções, as células fazem cópias da proteína. Isso leva o corpo humano a construir linfócitos T e linfócitos B, que se lembrarão de como combater esse vírus se houver uma infecção no futuro (NADANOVSKI, 2021).

Massarani et al (2021) destacam que muitas vacinas convencionais usam vírus inteiros para desencadear uma resposta imunológica e que existem duas abordagens principais. As vacinas vivas atenuadas usam uma forma enfraquecida do vírus que ainda pode se replicar sem causar doenças. As vacinas inativadas usam vírus cujo material genético foi destruído, de forma que não podem se replicar, mas ainda podem desencadear uma resposta imunológica.

As autoras apontam que ambos os tipos usam tecnologia e caminhos bem estabelecidos para aprovação regulatória, mas os vivos atenuados podem causar doenças em pessoas com sistema imunológico fraco e muitas vezes requerem armazenamento refrigerado cuidadoso, tornando seu uso mais desafiador em países com poucos recursos. As vacinas de vírus inativados podem ser administradas a pessoas com sistema imunológico comprometido, mas também podem precisar de armazenamento refrigerado (MASSARANI et al, 2021).

Senhoras (2021) explica que as vacinas que foram aprovadas na Europa mostram consistentemente alta eficácia contra doença grave, hospitalização e morte

nos ensaios e apresentam alta eficácia nas configurações do mundo real, e que vários estudos estão em andamento para estabelecer propriedades de bloqueio de infecção dessas vacinas.

O autor aponta ainda que a eficácia da vacina Pfizer-Biontech contra as infecções assintomáticas da SARS-Cov-2 pode ser tão alta quanto 94%. Relata ainda que um recente estudo de coorte dinamarquês sobre residentes de assistência em longo prazo e os trabalhadores de saúde sugere ainda que a eficácia da vacina Pfizer-Biontech utilizando um teste positivo de PCR como medida de resultado é de 64% e 90% além de sete dias de segunda dose nos dois grupos, respectivamente (SENHORAS, 2021).

Lima, Almeida e Kfoury (2021) evidenciam que resultados semelhantes foram encontrados em um estudo entre os trabalhadores de saúde na Inglaterra, onde a eficácia da vacina Pfizer-Biontech contra a infecção sintomática e assintomática foi de 86% sete dias após duas doses. Mostra também que, com base nos dados de Israel, a eficácia da mesma vacina contra a infecção com SARS-Cov-2 foi mostrada 51% 13-24 dias após uma dose. Finalmente, em um estudo de Lipsitch e Kahn, o limite inferior para a eficácia contra a transmissão para uma dose de vacina moderna foi estimada em 61%, e poderia ser consideravelmente maior, especialmente após duas doses.

E conforme dados fornecidos pela Agência Nacional de Vigilância Sanitária – ANVISA, na data de 16 de dezembro de 2021 foi autorizada a indicação da vacina Comirnaty para imunização contra Covid-19 em crianças de 5 a 11 anos de idade. A aprovação permite o início do uso da vacina no Brasil para esta faixa etária (ANVISA, 2021).

Não obstante toda a eficiência das vacinas, apresentada por estudiosos, recentemente tem se recomendado doses de reforço de vacinas COVID-19. Tal dose pode ser apropriada para alguns indivíduos nos quais a vacinação primária, definida aqui como a série original de uma ou duas doses de cada vacina, pode não ter induzido proteção adequada - por exemplo, recipientes de vacinas com baixa eficácia ou aqueles que são imunocomprometidos (FAVA; SCHETTINO; BASTOS, 2021). Os dados contidos nesse trabalho foram coletados de 2019 a dezembro de 2021.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O presente artigo teve como objetivo geral fazer uma revisão bibliográfica sobre o coronavírus, causador da COVID-19, e suas variantes, e a importância da vacina como agente controlador do desenvolvimento do vírus e como Objetivos Específicos destacar as variantes provindas de vários países, existentes no contexto mundial, e também apontar para as variantes existentes no Brasil, principalmente a P1, a Delta, que apresentam grandes riscos à população. Além disso, estabeleceu-se como problema da pesquisa responder de que forma as variantes do coronavírus podem trazer grandes problemas para a sociedade humana, causando um número elevado de mortes.

A pesquisa realizada mostrou que a COVID-19 tem causado muitos problemas no contexto mundial. Iniciando-se a partir da cidade de Wuhan, na China, o mundo inteiro tem sido afetado pelo alto nível de contágio do vírus SARS-Cov-2, havendo um número de mortes considerado bastante alto pelo mundo inteiro. O surgimento do vírus obrigou países a fechar suas fronteiras, determinar o uso de máscaras dentro e fora de estabelecimentos comerciais, e também estabelecer o fechamento de comércios e atividades não considerados essenciais.

Com o tempo, surgiram variantes ao COVID-19, estas que possuem capacidade de contágio maior do que a original, obrigando países a redobrar a atenção quanto ao problema. No Brasil, a variante Delta afetou um grande número de pessoas, e além dela, a variante MU, que apesar de ter sido considerada perigosa, é tida como variante de interesse no país, mas não como variante de preocupação. Até a data de hoje, 13 de dezembro, estas são as informações contidas em artigos científicos, que apresentam a possibilidade de surgimento de outras variantes com o passar do tempo.

Na luta contra a disseminação do vírus, desenvolveram-se várias vacinas com bases diversas, a vacina Coronavac, a vacina da Pfizer, a da Moderna e outras que estão em existência, cada uma sendo aplicada com o mesmo objetivo, que é o de permitir que a vida retorne à sua normalidade, mas mesmo após a sua aplicação, as pessoas devem continuar a tomar cuidados necessários com a disseminação do vírus.

Com a aplicação das vacinas, a quantidade de mortes diárias foi reduzida, e mais esforços estão sendo feitos para vacinar a população inteira, esforço este compartilhado por todos os países do mundo. Mas conforme os dados fornecidos pelos autores pesquisados para o desenvolvimento deste artigo, a quantidade de pessoas que perderam suas vidas é bem grande, e muitos outros ainda se encontram enfermos com sua vida em risco, outros sobreviveram com sequelas. Permanece o alerta para que todos os cuidados de higiene sejam mantidos, que cada um faça o máximo para se proteger e proteger as outras pessoas, na tentativa de erradicar o vírus da sociedade humana.

REFERÊNCIAS

ALARCON, A.M.Y; MARSANGO, D; GULICH, R.I.C (orgs). **Aprendendo Ciências: pesquisa**. 1.ed. Bagé. Editora Faith, 2018.

ANVISA – Agência Nacional de Vigilância Sanitária. **Anvisa aprova vacina da Pfizer contra Covid para crianças de 5 a 11 anos**. 16/12/2021. Disponível em: <<https://www.gov.br/anvisa/pt-br/assuntos/noticias-anvisa/2021/anvisa-aprova-vacina-da-pfizer-contra-covid-para-criancas-de-5-a-11-anos>>. Acesso em: 17 dez.2021.

BENITO, L.A.O, et al. Variantes del virus SARS-COV-2 que causan COVID-19 en Brasil. **Revisa**, 10(1), 2021, p. 205-19.

CAVALCANTE, João Roberto et al. COVID-19 no Brasil: evolução da epidemia até a semana epidemiológica 20 de 2020. **Epidemiol. Serv. Saude**, Brasília, 29(4):e2020376, 2020.

CRUZ, Kleber Augusto Tomé; LIMA, Patrícia de Sousa; PEREIRA, André Luiz Araújo. Principais aspectos do novo coronavírus sars -cov- 2: uma ampla revisão. **Arquivos do Mudi**, v. 25, n. 1, p. 73 – 90, ano 2021.

DOMINGUES, Carla Magda Allan Santos. Desafios para a realização da campanha de vacinação contra a COVID-19 no Brasil. **Cad. Saúde Pública** 37 (1), 2021.

ECHEVARRIA, José Manuel. **Variantes del SARS-CoV-2: la mutación en los virus ARN**. Revista nuevatribuna.publico.es, 2021. Disponível em: <<https://www.nuevatribuna.es/articulo/global/covid19-cepa-britanica-variantes-sarscov2-mutacion-virus-arn-coronavirus/20210104094705182956.amp.html>>. Acesso em: 05 set. 2021.

ESPINOZA, Jorge., et al. Variante Ómicron SARS-CoV-2: Una nueva variante de preocupación. **Bol. Micol.** 2021; 36(2): 14-19.

FAVA, Cesar Augustus de Penteadó; SCHETTINO, Henrique Junqueira; BASTOS, Valéria Delgado. **Covid-19 no Brasil: oportunidades e desafios para o desenvolvimento de vacinas.** V Encontro Nacional de Economia Industrial e Inovação – FACE UFMG. 10 a 14 maio 2021.

FERREIRA, Eidimara et al. COVID-19: contextualizando a pandemia em visita a literatura. **Archives of Health**, Curitiba, v.2, n.3, may./jun., 2021.

FIUZA, Laís Valéria Rezende. Principais variantes em circulação no mundo. **periodicos.ufba.br**. Informe técnico nº 2, 2021.

FREITAS, André Ricardo Ribas; GIOVANETTI, Marta; ALCÂNTARA, Luiz Carlos Junior. Variantes emergentes do SARS-CoV-2 e suas implicações para a saúde pública. **InterAmerican Journal of Medicine and Health**, v.4., p. 1-8, 2021.

HERMEL, E.E.S; RICHTER, E; MARTINS, A.T. O Vírus nos Livros Didáticos de Biologia Publicados no Brasil no Século XX: uma Análise das Imagens. In: LIMA, Eduardo Jorge da Fonseca; ALMEIDA, Amalia Mapurunga; KFOURI, Renato de Ávila. Vacinas para COVID-19 - o estado da arte. **Rev. Bras. Saúde Matern. Infant.**, Recife, 21 (Supl. 1): S21-S27, fev., 2021.

MACEDO, Yuri Miguel; ORNELASI, Joaquim Lemos; BONFIM, Helder Freitas. COVID – 19 NO BRASIL: o que se espera para população subalternizada? **Revista Encantar - Educação, Cultura e Sociedade** - Bom Jesus da Lapa, v. 2, p. 01-10, jan./dez. 2020.

MARQUITTI, Flavia Maria Darcie et al. O Brasil perante as novas variantes de SARSCoV-2: emergências e desafios em saúde pública. **Rev. bras. epidemiol**; 24: e210022, 2021.

MASSARANI, Luisa et al. Vacinas contra a COVID-19 e o combate à desinformação na cobertura da Folha de S. Paulo. **Revista Fronteiras – estudos midiáticos** 23(2):29-43 maio/agosto 2021.

MODI, Neena. Equity in coronavirus disease 2019 vaccine development and deployment. **Am J Obstet Gynecol**. 2021 May; 224(5): 423–427.

MONTALVÃO NETTO, Alberto Lopo; DELLA JUSTINA, Lourdes Aparecida. Educação em Ciências nos anos iniciais do Ensino Fundamental: uma proposta didática coma temática vírus. **VIDYA**, v. 41, n. 2, p. 295-311, jul./dez., 2021 - Santa Maria, 2021.

MORA, Dr. Eduardo López et al. Emergencia de variante Delta- B.1.617.2. Su impacto potencial en la evolución de la pandemia por SARS-CoV-2. **Bol. Micol**. 2021; 36(1): 12-16.

NADANOVSKY, Paulo. **Como interpretar os benefícios das vacinas contra a Covid-19?** informe.ensp.fiocruz.br/secoes/noticia/45010/50665. 2021. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/bitstream/icict/46811/2/BenefíciosVacinasCovid.pdf>>. Acesso em: 10 out. 2021.

PEDERSEN, Savannah F.; HO, Ya-Chi. SARS-CoV-2: a storm is raging. **The Journal of Clinical Investigation**, v.130, n.5, maio 2020.

PEREIRA, Mara Dantas et al. A pandemia de COVID-19, o isolamento social, consequências na saúde mental e estratégias de enfrentamento: uma revisão integrativa. **Research, Society and Development**, v. 9, n. 7, e652974548, 2020.

PEREIRA, Antonio Marcos Rodrigues. Impacto da pandemia por COVID-19 no Brasil. **Acta Scientiae et Technicae**, [S.l.], v. 9, n. 1, jul. 2021.

PORSSE, Alexandre A., et al. **Impactos Econômicos da COVID-19 no Brasil**. Nota Técnica NEDUR-UFPR 01-2020 - Impactos Econômicos da COVID-19 no Brasil. Núcleo de Estudos em Desenvolvimento Urbano e Regional (NEDUR) da Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Abril/2020.

PORTELA, Luis Eugenio Portela Fernandes; BUSS, Paulo Marchiori. Desafios globais para o acesso equitativo à vacinação contra a COVID-19. **Cad. Saúde Pública** 2021; 37(9):e00056521.

SENHORAS, Elói Martins. O campo de poder das vacinas na pandemia da covid-19. **Boletim de Conjuntura**, ano III, vol.6, n.18, BoaVista, 2021.

SERPA, Faradiba Sarquis et al. Vacinas COVID-19 e imunobiológicos. **Arq Asma Alerg Immunol**. 2021;5(2):126-34.

SILVA, Tânia; ALMEIDA, Elsa. Vacinas SARS Cov-2: principais características e perspectivas futuras - revisão da bibliografia. **Higeia** - Edição Especial COVID 19 - março 2021, p. 57-65.

URIU, Keiya et al. **Ineffective neutralization of the SARS-CoV-2 Mu variant by convalescent and vaccine sera**. Pré-impressão. 2021. Disponível em: <<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.09.06.459005v1.full.pdf>>. Acesso em: 08 out. 2021.

VELAVAN, Thirumalaisamy P.; MEYER, Christian G. The COVID-19 epidemic. **Trop Med Int Health**. 2020 Mar; 25(3): 278–280.