

História e Epidemiologia da COVID-19

Pollyanna da Silva Martin¹, Sabrina Longarini Gonçalves¹, Pietra do Santos Goularte¹, Eduardo Pereira Dias¹, André Elias Leonardi¹, Daniel Guimarães Tiezzi², Sthefano Atique Gabriel¹, Chung Man Chin^{1,3}

¹CEPAM - Centro de Pesquisa Avançada em Medicina da UNILAGO, Faculdade de Medicina - UNILAGO, União das Faculdades dos Grandes Lagos, SJRP, SP, ²Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto - USP, Ribeirão Preto, SP, ³Faculdade de Ciências Farmacêuticas - UNESP, Araraquara, SP

[autor correspondente* : CMC, chung@unilago.edu.br]

RESUMO

Este artigo traz uma revisão sobre os aspectos históricos e epidemiológicos da COVID-19. São abordados fatos que datam desde a primeira identificação de um coronavírus, na década de 60, passando pelo SARS-CoV e MERS-CoV, causadores de importantes epidemias no início do século XXI, até chegar ao SARS-CoV-2, agente etiológico da atual pandemia de COVID-19. Além disso, também são apresentados diversos dados epidemiológicos globais e nacionais acerca da doença, como países acometidos, números de casos e óbitos. Acerca dos dados no Brasil, é discutido sobre a imigração do vírus, incidência da doença nos estados e municípios mais acometidos, bem como o impacto dos fatores socioeconômicos, étnicos e o índice de desenvolvimento econômico municipal (IDHM) na mortalidade causada pela COVID-19.

Palavras-chave: história; epidemiologia; COVID-19; SARS-CoV-2; pandemia; transmissão; fatores socioeconômicos.

ABSTRACT

This article provides a review of the historical and epidemiological aspects of COVID-19. The facts that are discussed date from the first identification of a coronavirus, in the '60s, passing through SARS-CoV and MERS-CoV, causing major epidemics in the beginning of the 21st century, until reaching SARS-CoV2, the etiological agent of the current pandemic of COVID-19. In addition, several global and national epidemiological data about the disease are also presented, such as countries affected, numbers of cases and deaths. About the data in Brazil, it is discussed about the virus' immigration, the incidence of the disease in the most affected states and municipalities, as well as the impact of socioeconomic and ethnic factors and the municipal economic development index on mortality caused by COVID-19.

Key words: history; epidemiology; COVID-19; SARS-CoV-2; pandemic; transmission; socioeconomic factors.

INTRODUÇÃO

O coronavírus é um vírus pertencente à subfamília *Coronavirinae*, família *Coronaviridae*, e ordem

Nidovirales. Ele compreende quatro gêneros: α -coronavírus e β -coronavírus, capazes de infectar os seres humanos, γ -coronavírus e δ -coronavírus, identificados apenas em animais¹. Embora os reservatórios animais deste vírus se estendam a bovinos, porcos, perus, camelos, camundongos, cães, gatos, furões e martas², o morcego é a espécie animal transportadora mais envolvida em infecções humanas³.

O primeiro coronavírus humano (HCoV) foi isolado durante o ano de 1965 através da análise de secreções nasais de pacientes com resfriado comum, em Londres, na Inglaterra⁴. No intervalo que compreende desde esta primeira identificação, até o ano de 2002, foram relatados quatro subtipos de coronavírus que possuíam a capacidade de acometer os seres humanos: dois α -coronavírus (229E e

NL63), e dois β -coronavírus (Oc43 e HKU1), que de maneira geral produziam infecções não complicadas do trato respiratório superior e/ou inferior³.

No ano de 2002, no mês de novembro, ocorreu um momento crucial na compreensão da doença induzida por este tipo de vírus, com o surgimento do primeiro com potencial letal: o SARS-CoV, causador da Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS, do inglês *Severe Acute Respiratory Syndrome*). O vírus foi primariamente identificado na província de Guangdong, na China, e se espalhou por um total de 29 países, infectando pelo menos 8.096 indivíduos, com 774 deles evoluindo para o óbito⁵. O país com maior número de casos (5.327) e óbitos (349) foi a China, enquanto que o Canadá (251 casos e 43 óbitos) foi a nação com números mais expressivos fora da Ásia (Figura 1).

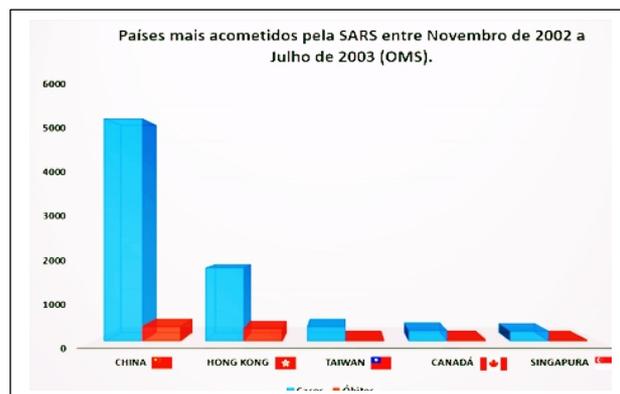


FIGURA 1. Países mais acometidos pela SARS entre novembro de 2002 a julho de 2003 (OMS, 2020).

Uma década após o surgimento do SARS-CoV, em 2012, um novo β -coronavírus que até então não havia sido identificado em humanos, foi detectado pela primeira vez em um indivíduo na Arábia Saudita. Este novo vírus, causador da Síndrome Respiratória do Oriente Médio (MERS, do inglês *Middle East Respiratory Syndrome*), foi nomeado como MERS-CoV e infectou 2.494 indivíduos confirmados por exames laboratoriais, em um total de 27 países e levou à morte pelo menos 858 pacientes até o mês de novembro de 2019⁶. Nos últimos anos, especialmente a partir de 2017, estão sendo relatados números progressivamente menores de casos e óbitos de MERS em todo o mundo⁷ (Quadro 1).

HISTÓRIA DA COVID-19

Em 31 de dezembro de 2019, o Governo da China comunicou a OMS sobre casos de pneumonia de

etiologia desconhecida na cidade de Wuhan, na província de Hubei. Desta data, até o dia 03 de janeiro de 2020, um total de 44 casos de pneumonia de causa indefinida foi relatado à OMS pelas autoridades chinesas. Estas chegaram à identificação de um novo coronavírus no dia 07 de janeiro, que posteriormente foi nomeado como SARS-CoV2. A Comissão Nacional de Saúde da China, nos dias 11 e 12 de janeiro, cedeu mais informações a respeito da etiologia do surto desta nova doença, sugerindo a associação a exposições em um mercado de frutos do mar na cidade de Wuhan. Um dia depois, no dia 13 de janeiro, foi confirmado por laboratório o primeiro caso fora da China, na Tailândia. Nos meses seguintes, até o início de junho de 2020, a COVID-19 (do inglês *Coronavirus Disease 2019*), nome da doença causada por este novo vírus, apresentou milhões de casos confirmados e levou à óbito milhares de

pacientes em todo o mundo, por mais de 215 países. No Brasil, o primeiro caso da doença foi confirmado

no dia 26 de fevereiro e a primeira morte ocorreu no dia 16 de março de 2020⁸ (Figura 2).

QUADRO 1. Características epidemiológicas de casos de MERS reportados globalmente entre agosto-janeiro de 2014 e agosto-janeiro de 2020 (OMS, 2020).

Característica	Ago 14 - Jan 15	Ago 15 - Jan 16	Ago 16 - Jan 17	Ago 17 - Jan 18	Ago 18 - Jan 19	Ago 19 - Jan 20
Número de casos	130	240	107	106	68	59
Idade média (em anos)	55	53	56	52	56	57
Gênero (% de homens)	78	61	77	71	82	76
% de casos primários	40	10	75	58	51	43
% de casos secundários	33	83	21	42	47	20
% de histórico de contato desconhecido	27	6	4	0	2	38
% de profissionais da saúde	12	18	5	8	0	8
% de casos fatais	45	34	33	35	25	27

Com relação à etiologia da doença, estão surgindo estudos que contestam a hipótese de que ela tenha surgido no mercado de peixes de Wuhan. Um destes estudos sugere que o vírus foi levado ao local por um indivíduo que já era portador da doença, uma vez que, segundo os pesquisadores, o agente etiológico já estava pré-adaptado à transmissão humana⁹. Em outra pesquisa, na França, pesquisadores detectaram o SARS-CoV2 em amostras de um paciente com pneumonia no dia 27 de dezembro de 2019¹⁰, contrastando com os dados oficiais, que apontaram para a entrada do vírus no país apenas no dia 24 de janeiro de 2020. Várias hipóteses foram aventadas com relação ao aparecimento do vírus, inclusive de que o mesmo poderia ter sido criado pelo homem. Entretanto, baseado em estudos genéticos, comparando o código genético do SARS-CoV2 com outros coronavírus, pesquisadores observaram que o SARS-CoV2 era parecido com SARS-CoV, porém, com algumas diferenças¹¹. Comparando com MERS-CoV, observaram uma diferença ainda maior. Analisando a árvore filogenética, envolvendo sequência de genomas, observou-se que o SARS-CoV2 é paralelo aos coronavírus SARS-like de morcegos, enquanto o SARS-COV é descendente desta linhagem, sugerindo que o SARS-CoV-2 é mais próximo do coronavírus SARS-like de morcegos que do SARS-CoV. O

SARS-CoV-2 possui 87.99% de homologia com o SL-CoVZC45 de morcegos e 87.23% de identificação com SL-CoVZXC2 de morcego, enquanto que é menos similar geneticamente com SARS-CoV (cerca de 79%) e MERS-CoV (cerca de 50%). Estas observações sugerem que o SARS-CoV-2 não provém de uma evolução clonal do SARS-CoV, e que o novo coronavírus tenha sido trazido por um indivíduo (contaminado de forma desconhecida até o momento), infectando animais e humanos hospedeiros através da própria aglomeração humana, falta de higiene, abate de animais e transporte dos mesmos¹²

Dada a alta similaridade na sequência genética entre o SARS-CoV-2 e o coronavírus SARS-like de morcegos *Hipposideros* na China, especulou-se que o hospedeiro natural do SARS-CoV-2 poderia ser estes morcegos. Além disso, a descoberta de que os genomas de coronavírus de pangolins possuem 85,5% a 92,4% de similaridade ao SARS-CoV-2, pesquisadores também especularam que os pangolins poderiam ser considerados hospedeiros naturais do SARS-CoV-2¹¹. Entretanto, seguem necessárias novas buscas para uma resposta definitiva que aponte de maneira precisa o real estopim desta pandemia (Figura 3).

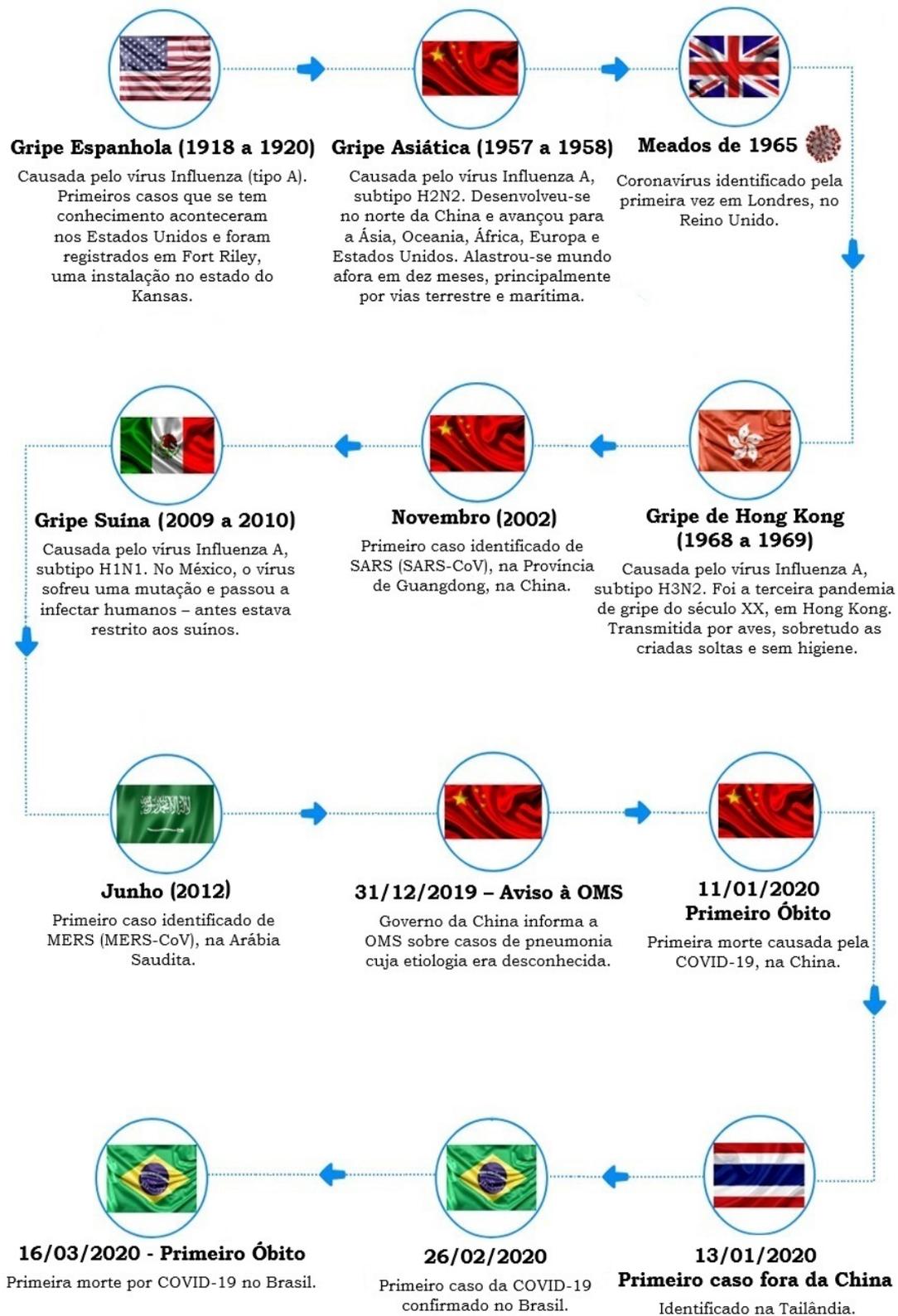


FIGURA 2. Linha do tempo do coronavírus e das últimas grandes pandemias.

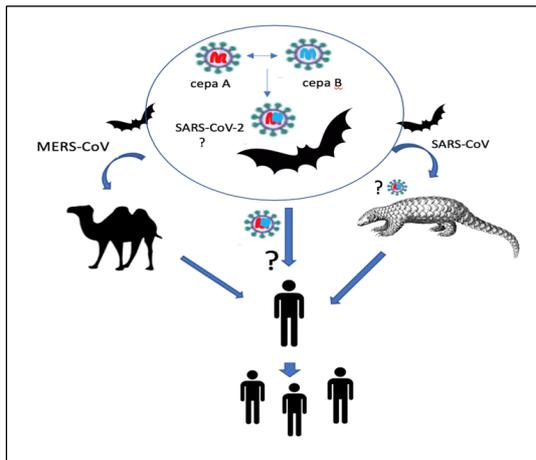


FIGURA 3. Possível transmissão do SARS-CoV-2, originário provavelmente de coronavírus SARS-like de morcegos. Ainda incerto, a transmissão ao homem. MERS-CoV transmitido ao homem pelo camelo e SARS-CoV pelo pangolim (possível transmissor também do SARS-CoV-2).

TRANSMISSÃO DO SARS-CoV-2

O principal meio de transmissão do SARS-CoV-2 é de contato direto pessoa a pessoa. Pessoas infectadas com o vírus podem transmiti-lo através de gotículas respiratórias liberadas na tosse, no espirro ou na fala contaminando outras pessoas ao entrar em contato com as mucosas. Além disso, a infecção também pode ocorrer se a pessoa tocar superfícies contaminadas e levar a mão aos olhos, nariz ou boca. A transmissão através de “rotas aéreas” (hospedeiros infectados viajando de avião) ainda está sendo estudada assim como a transmissão do vírus pelas fezes, secreções oculares, sangue e sêmen¹³.

Pacientes infectados com COVID-19 em estado grave são mais contagiosos que pacientes com sintomas leves. Além disso, pessoas assintomáticas são fontes potenciais de transmissão por transitarem livremente sem a prática da quarentena¹³. Amostras colhidas de pacientes recuperados do COVID-19 mostraram um resultado nunca visto na história. Esses pacientes, apesar de curados, apresentam teste positivo para o vírus se tornando mais um desafio para a prevenção e controle da doença¹⁴.

Os riscos variam de acordo com o tipo e duração da exposição, uso de medidas preventivas e fatores individuais. As maiorias das infecções secundárias ocorreram através de contato com familiares, visitas em locais de aglomeração, assistência médica sem utilização de EPI's recomendados e em ambientes

fechados. Em estudos realizados na China, EUA e na Coreia, as infecções secundárias ocorreram principalmente em domicílios por meio de membros da família¹³. Já o risco de transmissão com contato indireto, como manusear itens, não está estabelecido e provavelmente é baixo¹³.

CONTAMINAÇÃO PELO AMBIENTE

Os vírus presentes em superfícies contaminadas talvez possam ser uma possível fonte de infecção, porém seu tipo de transmissão permanece incerto. É provável que esse tipo de transmissão seja mais frequente em locais de forte contaminação, por exemplo, em um domicílio com indivíduos infectados e hospitais¹³.

A contaminação com SARS-CoV-2 em quartos hospitalares com pacientes com COVID-19 foi descrito em alguns estudos. Um estudo em Singapura detectou o RNA viral em quase todas as superfícies testadas antes da limpeza diária do quarto de um paciente com sintomas leves isolado com COVID-19. Contudo, a presença do RNA viral não significa a presença do vírus infeccioso (viável), podendo ser apenas um fragmento do vírus, o que dificulta os estudos. Foi constatado que a duração do vírus depende da temperatura do ambiente, da umidade relativa do ar e da quantidade de vírus presente na superfície. Com isso, deixa clara a importância da desinfecção hospitalar e domiciliar, para isso é indicado o uso de álcool 70%¹³.

TRANSMISSÃO POR ANIMAIS

Apesar de o SARS-CoV-2 ter sido inicialmente transmitido por contato com animal, a transmissão por esse meio ainda é incerta. Não há evidências que animais (incluindo animais domésticos) sejam uma importante fonte de infecção em humanos¹³. Houve raros relatos de animais infectados com o SARS-CoV-2 após contato com um humano com COVID-19. Foram feitos alguns estudos com inoculação experimental em animais onde o resultado foi a transmissão de animal para animal, não para o humano. No estudo houve replicação viral em gatos, furões e cães, porém em porcos e aves a infecção não alastrou. Mesmo com a baixa taxa de transmissão de animais para humanos, é recomendado o afastamento dos animais domésticos durante o tratamento da COVID-19¹³.

DERRAMAMENTO VIRAL E O PERÍODO DE INFECCIOSIDADE

O intervalo preciso o qual a pessoa com COVID-19 é considerada infecciosa é incerto. O SARS-CoV-2 pode ser transmitido antes do desenvolvimento de sintomas e durante o curso da doença, sendo a taxa de infecção mais alta no início da doença. A detecção do RNA viral não indica necessariamente a presença do vírus infeccioso, logo, ao detectar o RNA viral após cura da doença não indica sua infecciosidade. Os níveis de RNA viral em amostras das vias aéreas superiores são mais altos após início dos sintomas em comparação aos estágios finais da doença¹³.

Um estudo revelou que o período de incubação do vírus é de 5,2 dias e o início da infecciosidade é pelo menos 2 dias antes do início dos sintomas. O pico de infecciosidade varia de 2 dias antes até um dia após o início dos sintomas diminuindo dentro de 7 dias¹⁵. O derramamento viral pode começar de 2 a 3 dias antes do aparecimento dos primeiros sintomas¹⁵ com duração média de 12 dias¹⁶ e a carga viral diminui após o início dos sintomas. Com isso, medidas de distanciamento e higiene pessoal seriam os principais instrumentos para o controle comunitário da doença¹⁵.

Embora haja muitos dados publicados, ainda não está claro o tempo de duração do SARS-CoV-2. Em amostras respiratórias das vias aéreas superiores de pacientes infectados foram relatados que, em média, os pacientes deixarão de ser positivos após 21 dias do início da infecção¹⁶.

Houve relatos de pacientes que se recuperaram e obtiveram teste RT-PCR positivo durante o período de observação médica praticada após a alta. Uma versão mais recente de diretrizes da China indica isolamento de 14 dias para pacientes curados. Além disso, deve permanecer o uso de máscaras quando interagirem com pessoas, usar quarto individual, evitar contato próximo com familiares, não compartilhar refeições com outras pessoas, lavar bem as mãos e evitar sair do quarto¹⁶.

IMUNIDADE E RISCO DE REINFECÇÃO

Evidências preliminares sugerem que alguns anticorpos, produzidos durante a infecção pelo SARS-Cov-2 são protetores, porém ainda não é totalmente comprovado, pois há dúvidas quanto ao tempo de resposta imune, bem como se esta proteção ocorreria com todos os pacientes. Porém, baseado na hipótese positiva de proteção, pesquisas clínicas

estão em andamento, utilizando o plasma sanguíneo de pessoas curadas de COVID-19, como terapêutica. Estudo em animais relatam que a resposta imune à infecção pode oferecer proteção contra a reinfecção a curto prazo. Outros estudos que avaliam a vacinação do SARS-CoV-2 em macacos indicaram resposta imune à COVID-19 com a redução dos níveis de RNA viral comparado ao grupo controle submetido ao vírus e não vacinado. Outro estudo também indica a presença de células T CD4 e CD8 em pacientes que se recuperaram da COVID-19 e naqueles em experiência que receberam a vacina do SARS-CoV-2 sugerindo, assim, uma potencial duração das células T na resposta imune¹³.

Alguns estudos relatam testes de RT-PCR positivo para SARS-CoV-2 em pacientes curados da COVID-19 em dois testes consecutivos. Contudo, esse teste não se associa ao agravamento da doença apenas retrata o vírus que provavelmente não reflete em uma reinfecção¹³.

O VÍRUS SARS-CoV-2

O SARS-CoV-2 é um vírus RNA, o qual possui três proteínas inseridas em sua membrana lipídica: hemaglutinina, glicoproteína de espícula (S) ou proteína *Spike* e proteína de membrana ou de envelope (Figura 4). A proteína S forma protuberâncias em forma de coroa (derivando o nome coronavírus).

Esta proteína, central na infectividade do SARS-CoV-2, liga-se a receptores de enzima conversora de angiotensina-2 (ECA-2), permitindo a liberação de epitopos proteicos (ou proteínas de corte), promovendo a fusão do vírus com a célula do hospedeiro¹⁷.

Através da espícula, o vírus se liga aos receptores de enzima conversora de angiotensina 2, o qual promove a fusão com o hospedeiro, liberando seu material genético para a replicação viral. O vírus também pode entrar na célula hospedeira, diretamente por endocitose^{18,19}

EPIDEMIOLOGIA DA COVID-19

A COVID-19 atingiu após 6 meses, 216 países. O mais afetado é os Estados Unidos, com maior número de contaminados e mortalidade. No dia 22/06/2020, contabilizou-se 119.923 óbitos e 2.275.645 contaminados²⁰. No mundo, nesta mesma data, contabilizou-se 8.860.331 casos e 465.740 mortes (Figura 5, Tabela 1)

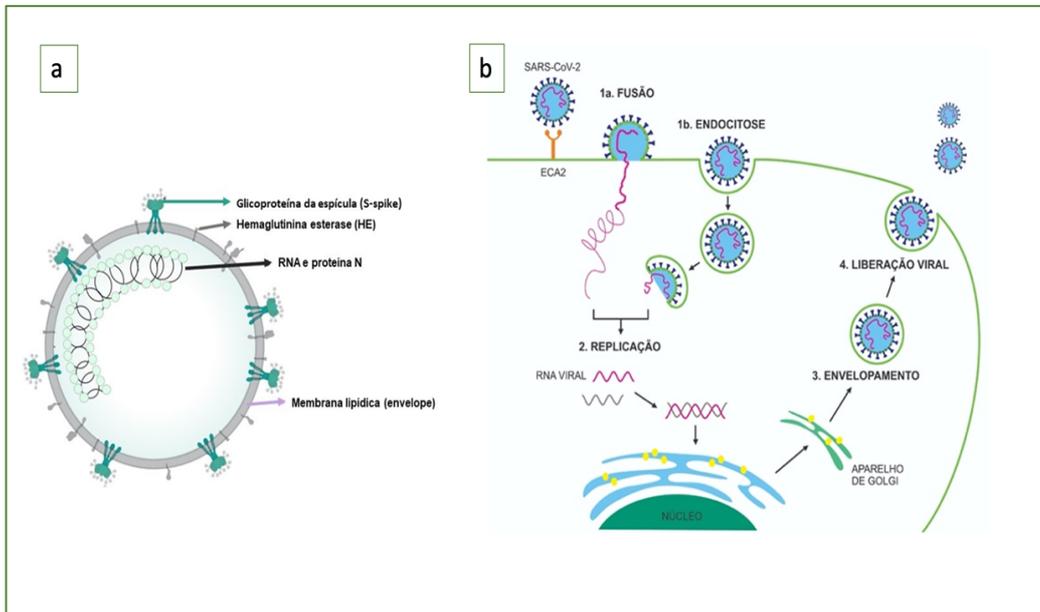


FIGURA 4. Estrutura do SARS-CoV-2 (a). Mecanismo de infecção do Sars-Cov-2 (b)
 Fonte: a) Adaptado de ALTAf, Binte. Coronavirus virion structure, CC BY-SA 4.0. free domain. Disponível em: <<https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=88349537>>. Acesso em: 17 de Junho de 2020. b) baseado em Qing & Gallagner, Kupferschmidt & Cohen), adaptada por Accorsi, 2020

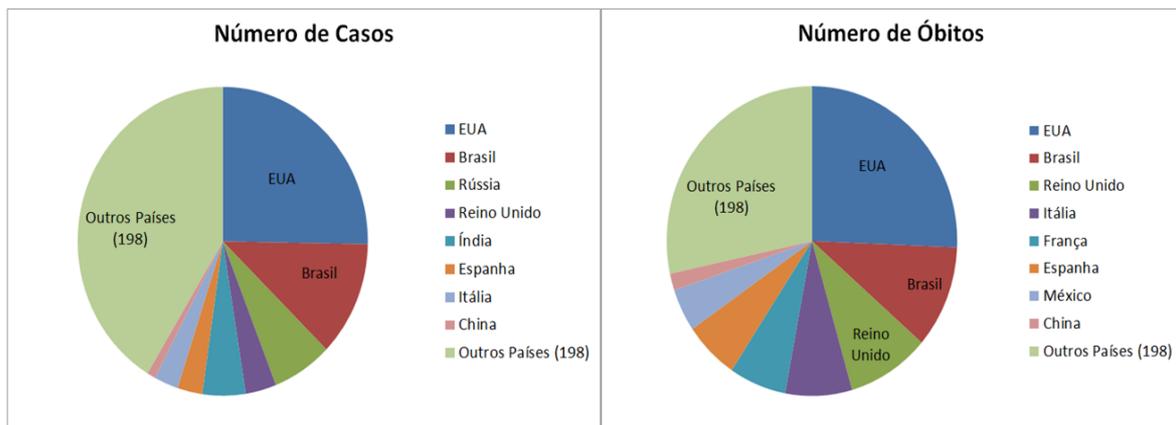


FIGURA 5: Distribuição do número de casos e óbitos no mundo, considerando os dados de 22 junho 2020

Tabela 1. Distribuição do numero de casos e óbitos no mundo *

PAÍS	No. CASOS	No. ÓBITOS	% LETALIDADE
EUA	2.241.188	119.453	5,3
Brasil	1.067.579	49.976	4,7
Reino Unido	304.335	42.632	14,0
Itália	238.499	34.634	14,5
Espanha	246.272	28.323	11,5
França	154.567	29.571	10,1
Rússia	592.280	8.206	1,4
Índia	425.282	13.699	3,2
China	85.018	4.646	5,5
Outros Países	3.505.321	164.171	4,7

*dados de 22/06/2020.
 Fonte: WHO, 2020. WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard. Disponível em: <<https://covid19.who.int/>>.
 Acesso em: 22 jun. 2020.

BRASIL E COVID-19

No Brasil, dia 26 de fevereiro de 2020, o primeiro caso foi registrado em São Paulo em um homem de 61 anos que havia viajado para a Itália⁷. Desde então o SARS-CoV-2 tem se espalhado por todas as regiões tendo São Paulo o epicentro da pandemia no país. Pesquisadores realizaram estudo da rota do vírus SARS-CoV-2, analisando voos com destino final no Brasil com foco para 29 países que reportaram casos de transmissão local de COVID-19 utilizando dados da Associação Internacional de Transporte Aéreo (AITA), referente ao período de fevereiro a março de 2019, como estimativa do número de passageiros para 2020 e portanto, a provável rota do COVID-19²¹. O estudo mostra que o Brasil recebeu 841.302 passageiros internacionais, oriundos de 84 cidades, em que 46,1% foram para a cidade de São Paulo, 21% para o Rio de Janeiro capital e 4,1% para Belo Horizonte. Dos passageiros 50,8 % foram oriundos dos EUA, 7,9% da França e 7,5%, da Itália. Para a rota da COVID-19, estima-se que 54% dos casos vieram importados da Itália, 9,3% da China e 8,3% da França. A Itália tem sido a localização fonte de 5 das 10 rotas de importação de

viajantes infectados nesse período. Pelo menos 48% (n= 14/29) de casos de importação relatados no Brasil tinham histórico de viagem para a Itália anteriormente aos sintomas²¹

No Brasil, o Núcleo de Operações e Inteligência em Saúde (NOIS), publicou na nota técnica 11 (27/05/2020), a análise socioeconômica da taxa de letalidade da COVID-19 baseada nas notificações realizadas pelas unidades de saúde públicas e privadas e disponibilizadas pelo Ministério da Saúde (figura 7). A base de dados foi extraída no dia 21/05/2020, contendo dados atualizados até o dia 18/05/2020²⁵. Os dados demonstram que indivíduos com baixa escolaridade são pertencentes à classe com maior mortalidade, menor número de recuperados, inversamente proporcional quando se aumenta o grau de escolaridade. Estes dados também mostram que o maior número de vítimas fatais estão as da classe preta/parda, residentes em municípios com menor IDHM (Índice de desenvolvimento humano do município). Os autores relatam que o IDHM baixo não entrou na estatística por não haver dados²⁵

ESTADOS	Nº habitantes	Nº CASOS	Nº ÓBITOS	Letalidade (%)	Incidência (100 mil h)
São Paulo	45.919.049	219.185	12.588	5,7	477
Rio de Janeiro	17.264.943	96.133	8.875	9,2	557
Ceará	9.132.078	92.866	5.523	5,9	1.017
Pará	8.602.865	84.654	4.583	5,4	984
Maranhão	7.075.181	70.059	1.721	2,5	990
Amapá	845.731	21.840	359	1,6	2.582
Amazonas	4.144.597	63.410	2.657	4,2	1.530
Roraima	605.761	8.120	251	3,1	1.340
Acre	881.935	11.381	300	2,6	1.290

TABELA 2. Distribuição do número de casos, óbitos, letalidade e incidência (por 100 mil habitantes), dos Estados mais incidentes, dados coletados em 22 de junho de 2020

capitais	Nº habitantes	Nº CASOS	Nº ÓBITOS	Letalidade (%)	Incidência (100 mil h)
São Paulo	11.253.503	106.540	6.387	6,0	946,7
Rio de Janeiro	6.320.446	50.430	5.832	11,6	797,9
Fortaleza	2.452.185	32.794	3.109	9,5	1.337,3
Manaus	1.802.014	25.103	1.711	6,8	1.261,7
Belém	1.393.399	17.581	1.837	10,4	1.261,7
São Luís	1.014.837	12.523	715	5,7	1.234,0
Macapá	398.204	9.378	216	2,3	2.355,1
Rio Branco	336.038	5905	212	3,6	1.757,2
Boa Vista	284.313	5.625	187	3,3	1.978,5

TABELA 3. Distribuição do número de casos, óbitos, letalidade das capitais dos estados brasileiros que possuem maiores números de casos, mortalidade e taxas de incidência (por 100 mil habitantes), dados coletados em 22 de junho de 2020.

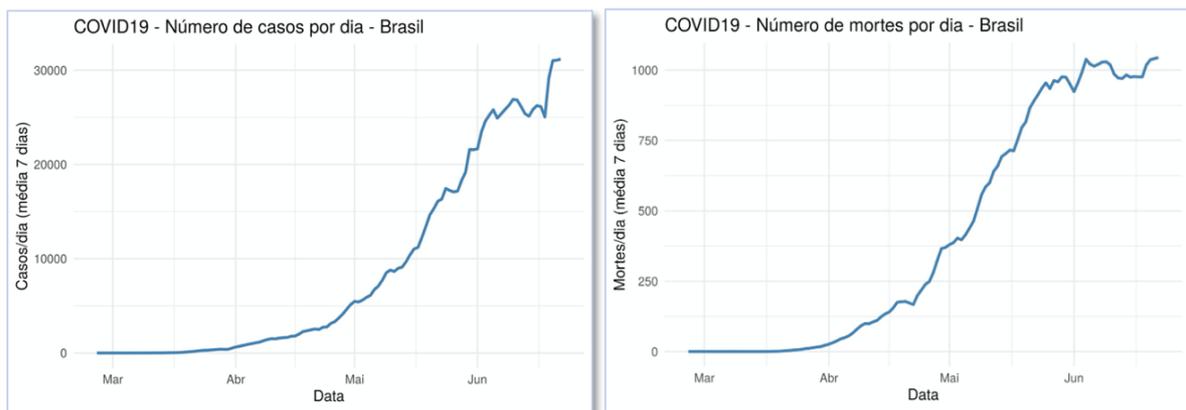


FIGURA 6. Evolução do número de casos e óbitos, no Brasil. (médias nos últimos 7 dias). Dados obtidos em https://covid.ourworldindata.org/data/ecdc/full_data.csv no dia 21 de junho de 2020, as 16:00 horas.

No Brasil, o Núcleo de Operações e Inteligência em Saúde (NOIS), publicou na nota técnica 11 (27/05/2020), a análise socioeconômica da taxa de letalidade da COVID-19 baseada nas notificações realizadas pelas unidades de saúde públicas e privadas e disponibilizadas pelo Ministério da Saúde (figura 7). A base de dados foi extraída no dia 21/05/2020, contendo dados atualizados até o dia 18/05/2020²⁵. Os dados demonstram que indivíduos com baixa escolaridade são pertencentes à classe com maior mortalidade, menor número de recuperados, inversamente proporcional quando se aumenta o grau de escolaridade. Estes dados também mostram que o maior número de vítimas fatais estão as da classe preta/parda, residentes em municípios com menor IDHM (Índice de desenvolvimento humano do município). Os autores relatam que o IDHM baixo não entrou na estatística

CONCLUSÃO

Um novo vírus, identificado como coronavírus SARS-CoV-2, em dezembro de 2019, causando uma nova doença, COVID-19, causou até 22/06/2020 mais de 465 mil óbitos, atingindo 216 países no mundo. Os números ainda estavam em crescimento, menos em países da Ásia. Os países da Europa demonstram um decaimento dos números enquanto o continente americano, um crescimento no número de infectados e óbitos. Os dados revelam que o vírus foi trazido ao Brasil por viajantes oriundos principalmente da Itália, atingindo primeiramente as classes sociais mais altas, atingindo as mais frágeis, sendo estas últimas, as maiores vítimas do COVID-19. O número de casos e óbitos permanece em crescimento, com as capitais Rio de Janeiro, Belém e Fortaleza, com maior índice de letalidade.

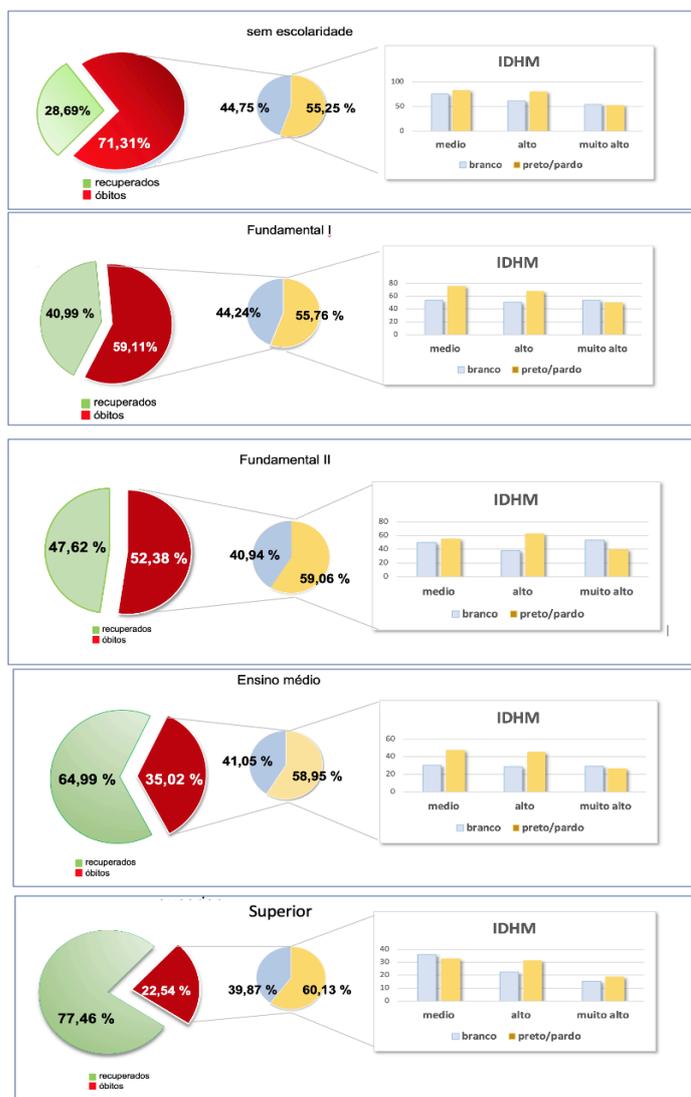


FIGURA 7. Gráficos de proporção de pacientes recuperados ou óbitos com o nível de escolaridade. Dos óbitos, o gráfico menor, mostra a proporção de brancos e pretos/pardos, Fonte: Dados retirados e gráfico adaptado de Batista et al, 2020

REFERÊNCIAS

- Groot RJ, Baker SC, Baric R, Enjuanes L, Gorbalenya AE, Holmes KV, Perlman S, Poon L, Rottier PJM, Talbot PJ, Woo PCY, Ziebuhr J. Family Coronaviridae, 2012, p 806–828. In: King A, Adams M, Cartens E, Lefkowitz E (ed), Virus taxonomy: ninth report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. Academic Press, San Diego, CA.
- Goumenou M, Spandidos DA and Tsatsakis A: [Editorial] Possibility of transmission through dogs being a contributing factor to the extreme Covid 19 outbreak in North Italy. Mol Med Rep. 21:2293–2295, 2020.
- C. Geller, M. Varbanov, R.E. Duval Human coronaviruses: insights into environmental resistance and its influence on the development of new antiseptic strategies Viruses, 4, 2012, pp. 3044-3068.
- D.A. Tyrrell, M.L. Bynoe Cultivation of a novel type of common-cold virus in organ cultures Br. Med. J., 1, 1965, pp. 1467-1470.
- World Health Organization. Summary of probable SARS cases with onset of illness from 1 November 2002 to 31 July 2003, 2003 Disponível em: <http://www.who.int/csr/sars/country/table2004_04_21/en/index.html>. Acesso em: 08 Junho 2020.
- World Health Organization. Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV). MERS Monthly Summary, 2019. Disponível em: <<http://www.who.int/emergencies/mers-cov/en/>>. Acesso em: 08 Junho 2020.
- World Health Organization. MERS situation - Update January 2020, 2020. Disponível em: <<http://www.emro.who.int/health-topics/mers-cov/mers-outbreaks.html>>. Acesso em: 09 Junho 2020.
- World Health Organization. Novel coronavirus (2019-nCoV). Situation report – 1, 2020. Disponível em: <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200121-sitrep-1-2019-ncov.pdf?sfvrsn=20a99c10_4>. Acesso em: 09 Junho 2020.
- Zhan SH, Deverman BE, Chan YA. SARS-CoV-2 is well adapted for humans. What does this mean for re-emergence? bioRxiv. 2020, pp. 1–28.
- Deslandes A, Berti V, Tandjaoui-Lambotte Y, Alloui C, Carbonnelle E, Zahar JR, et al. SARSCoV-2 was already spreading in France in late December 2019. Int J Antimicrob Agents, 2020.
- Andersen, K.G.; Rambaut, A.; Lipkin, W.L.; Holmes, E.C.; Garry, R.F. The Proximal Origin of SARS-CoV-2. *ARTIC Network*, 17 February 2020. Disponível em: <<http://virological.org/t/the-proximal-origin-of-sars-cov-2/398>>. Acesso em: 12 Junho 2020.
- Wang H, Li X, Li T, Zhang S, Wang L, Wu X, Liu J. The genetic sequence, origin, and diagnosis of SARS-CoV-2. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2020 Apr 24.
- McIntosh, K. Coronavirus disease 2019 (COVID-19): Epidemiology, virology and prevention. Disponível em: <<https://www.uptodate.com/contents/coronavirus-disease-2019-covid-19-epidemiology-virology-and-prevention>>. Acesso em: 04 Junho 2020.
- Jin Y, Yang H, Ji W; Wu W, Chen S, Zhang W, Duan G. Virology, Epidemiology, Pathogenesis and Control of COVID-19. Disponível em: <<https://www.mdpi.com/1999-4915/12/4/372/htm>>. Acesso em: 27 Março 2020.
- He X, Lau EHY, Wu P, Deng X, Wang J, Hao X, Lau YC, W JY, Guan Y, Tan X, Mo X, Chen Y, Liao B, Chen W, Hu F, Zhang Q, Zhong M, Wu Y, Zhao L, Zhang F, Cowling B.J., Li F, Leung G.M. Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19. Natural Medicine. Vol.26. May 2020.
- Guo-Qing Q, Xue-Qin C, Ding-Feng Lv, Ada Hoi Yan Ma, Li-Ping W, Nai-Bin Y & Xiao-Min C. (2020): Duration of SARS-CoV-2 viral shedding during COVID-19 infection, Infectious Diseases, DOI: 10.1080/23744235.2020.1748705
- Jian S, Yushun W, Chuming L, Gang Y, Qibin G, Auerbach A, Fang L. Cell entry mechanism of SARS-CoV-2. PNAS May 26, 2020 117 (21) 11727-11734
- Qing E, Gallagner T. Trends Immunol. 2020 Apr;41(4):271-273.
- Kupferschmidt K, Cohen J, Race to find COVID-19 treatments accelerates Science 367 (6485), 1412-1413, 2020 DOI: 10.1126/science.367.6485.1412
- CDC. Center for Diseases Control and Prevention. Disponível em: <<https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/cases-in-us.html>>. Acesso em: 22 junho 2020
- Darlan SC, Watts A, Abade L, Moritz UGK, Oliver GP, Croda J, Oliveira W, Kamran K, Ester CS, Faria NR, Routes for COVID-19 importation in Brazil, 2020. Journal of Travel Medicine, 2020
- BRASIL, CONASS. Conselho Nacional de Secretários de Saúde. Disponível em: <www.conass.org.br>. Acesso em: 22 jun. 2020.
- Apm research lab staff. The color of coronavirus: COVID-19 deaths by race and ethnicity in the US Disponível em: <<https://www.apmresearchlab.org/covid/deaths-by-race>>. Acesso em: 22 jun 2020
- Pan D, Szeć S, Minhas JS, Bangash MN, Pareekf N, Divallg P, Williams CML, Oggionih MR, Squire IB, Nellumsi LB, Hanifj W, Khuntik K, Pareek M. The impact of ethnicity on clinical outcomes in COVID-19: A systematic review E-Clinical Medicine, 2020. Disponível em: <[https://www.thelancet.com/pdfs/journals/eclinm/PII S2589-5370\(20\)30148-6.pdf](https://www.thelancet.com/pdfs/journals/eclinm/PII S2589-5370(20)30148-6.pdf)>

25.-Batista A, Antunes B, Faveret G, Peres I, Marchesi J, Cunha JP, et al. Análise socioeconômica da taxa de letalidade da COVID-19 no Brasil Nota Técnica 11 – 27/05/2020 Núcleo de Operações e Inteligência em Saúde (NOIS). Disponível

em:<<https://sites.google.com/views/nois-pucrio/publica%C3%A7%C3%B5es>>. Acesso em: 10 jun 2020