

Coronavírus 2020

Angélica Gonçalves Silva Belasco^I

ORCID: 0000-0002-0307-6225

Cassiane Dezoti da Fonseca^{II}

ORCID: 0000-0002-2118-8562

^I *Profa Associada do Departamento de Enfermagem Clínica e Cirúrgica da Escola Paulista de Enfermagem da Universidade Federal de São Paulo. São Paulo, São Paulo, Brasil.*

^{II} *Profa Adjunta do Departamento de Enfermagem Clínica e Cirúrgica da Escola Paulista de Enfermagem da Universidade Federal de São Paulo. São Paulo, São Paulo, Brasil.*

Como citar este artigo:

Belasco AGS, Fonseca CD. Coronavírus 2020.
Rev Bras Enferm. 2020;73(2):e2020n2.
doi: <http://dx.doi.org/10.1590/0034-7167-2020730201>

Autor Correspondente:

Angélica Gonçalves Silva Belasco
E-mail: abelasco@unifesp.br

Doenças infecciosas emergentes e reemergentes são constantes desafios para a saúde pública mundial. Recentes casos de pneumonia de causa desconhecida ocorridos em Wuhan, China, levaram à descoberta de um novo tipo de Coronavírus (2019-nCoV), que são RNA vírus envelopados, comumente encontrados em humanos, outros mamíferos e aves, capazes de causar doenças respiratórias, entéricas, hepáticas e neurológicas⁽¹⁾.

Até o momento, são seis as espécies de Coronavírus conhecidas que causam doenças em humanos. Quatro dessas (229E, OC43, NL63 e HKU1) causam sintomas comuns de gripe em pessoas imunocompetentes, e duas espécies (SARS-CoV e MERS-CoV) provocam síndrome respiratória aguda grave com taxas elevadas de mortalidade⁽²⁾.

É provável que outros Coronavírus, periodicamente, afetem humanos devido à alta prevalência das infecções, ampla distribuição do vírus, diversidade genética, recombinação frequente de Coronavírus e aumento da interface homem-animal⁽¹⁻²⁾.

O 2019-nCoV, denominado *Novel Coronavirus-Infected Pneumonia* (NCIP), foi confirmado por meio do lavado bronco-alveolar, sequenciamento de genoma inteiro, PCR e cultura nos pacientes hospitalizados em Wuhan, China. A análise completa do genoma do vírus enquadrou-o no gênero betacoronavírus, que inclui também o SARS-CoV, descobertos em humanos, morcegos e outros animais selvagens⁽³⁾.

Com relação às características epidemiológicas e clínicas dos casos confirmados de 2019-nCoV, na cidade de Wuhan, China, uma coorte retrospectiva de 41 pacientes demonstrou que 66% (27 pacientes) tiveram contato direto com um grande mercado de frutos do mar e animais. A idade média foi de 49 anos, com prevalência do sexo masculino. Foram considerados importantes sinais e sintomas do 2019-nCoV: febre (98%), tosse seca (76%), dispneia (55%), mialgia ou fadiga (44%) e linfopenia (63%)⁽⁴⁾.

Nesse contexto, as secreções respiratórias foram consideradas o principal meio de propagação do vírus. A análise de cultura de células epiteliais das vias aéreas humanas, a microscopia eletrônica e o sequenciamento completo do genoma da cultura sobrenadante foram compartilhados com a Organização Mundial da Saúde, destinando-se à vigilância e detecção da infecção 2019-nCoV globalmente e na China⁽¹⁾.

Sumariamente, ainda é desconhecida a evolução viral e patogenicidade do 2019-nCoV. Embora com letalidade baixa em torno de 3%, a transmissibilidade se apresenta alta⁽¹⁾. No entanto, os estudos inferem a possível transmissibilidade animal-humano e humano-humano.

Portanto, a ausência de vacina contra o 2019-nCoV reforça entre a população, em geral, a adoção das medidas de prevenção contra a infecção, preconizadas pela OMS, como realizar higiene das mãos, evitar ambientes fechados e contato com pessoas provenientes da região onde o surto teve início. Para os profissionais da área da saúde, o uso dos óculos de proteção ou protetor facial, máscara cirúrgica/N95, avental, luva de procedimento e lavagem das mãos devem ser utilizados para a prestação de assistência aos casos suspeitos ou confirmados de infecção por 2019-nCoV.

REFERÊNCIAS

1. Zhu N, Zhang D, Wang W, Xingwang Li, Yang B, Song J, et al. A novel Coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *N Eng J Med* 2020; 1-7. doi: 10.1056/NEJMoa2001017
 2. Cui J, Li F, Shi ZL. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nat Rev Microbiol* 2019; 17: 181-92. doi: 10.1038/s41579-018-0118-9
 3. Tan WJ, Zhao X, Ma XJ. A novel coronavirus genome identified in a cluster of pneumonia cases: Wuhan, China 2019-2020. *China CDC Weekly* 2020;2:61-2. doi: 10.1056/NEJMoa2001017
 4. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet*. 2020;pii:S0140-6736(20)30183-5. doi: 10.1016/S0140-6736(20)30183-5
-