



ISSN: 2230-9926

Available online at <http://www.journalijdr.com>

# IJDR

International Journal of Development Research

Vol. 12, Issue, 07, pp. 57381-57384, July, 2022

<https://doi.org/10.37118/ijdr.24811.07.2022>



RESEARCH ARTICLE

OPEN ACCESS

## ESTUDO GENÉTICO E MOLECULAR DA PROTEÍNA S ATRAVÉS DE RECURSOS DA BIOINFORMÁTICA

David Xavier Nascimento\*, Thallysson José Dourado de Sousa and Domingos Magno Santos Pereira

Departamento de Biomedicina, Universidade CEUMA

### ARTICLE INFO

#### Article History:

Received 05<sup>th</sup> April, 2022  
Received in revised form  
19<sup>th</sup> May, 2022  
Accepted 28<sup>th</sup> June, 2022  
Published online 28<sup>th</sup> July, 2022

#### Key Words:

SARS-CoV-2, Proteína S,  
Análise Genômica,  
Transcriptômica, Proteômica.

#### \*Corresponding author:

David Xavier Nascimento

### ABSTRACT

O SARS-CoV-2 é um novo agente patogênico humano responsável pela pandemia de 2020. O estudo e identificação da proteína viral de superfície responsável pela entrada do vírus nas células é o passo primordial para o desenvolvimento de vacinas. Este trabalho objetivou realizar análises genômica, transcriptômica e proteômica na modalidade *in silico* da proteína S do novo coronavírus. Para isto, foram utilizadas as plataformas online: *Genebank*, *FASTA* e *Structure*, disponíveis no PUBMED. Após análises, foi possível observar a sequência de nucleotídeos relacionada ao genômica viral parental, bem como a sequência de aminoácidos traduzida pelos ribossomos no citoplasma das células hospedeiras. Ainda, através da plataforma *Structure* foi possível fazer análises morfológicas e a representação tridimensional da proteína S. Portanto, as ferramentas *in silico* executadas no presente trabalhos configuram-se como importantes ferramentas para a compreensão da proteína S do SARS-CoV-2, bem como sua interação com as proteínas hospedeiras.

Copyright © 2022, David Xavier Nascimento et al. This is an open access article distributed under the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

Citation: David Xavier Nascimento, Thallysson José Dourado de Sousa and Domingos Magno Santos Pereira. "Estudo genético e molecular da proteína S através de recursos da bioinformática", *International Journal of Development Research*, 12, (07), 57381-57384.

## INTRODUCTION

No início de dezembro de 2019, ocorreu o primeiro caso de infecção pelo novo coronavírus (Sars-Cov-2), que fora reportado na China (WANG *et al.*, 2020). O crescimento escalonado da doença, com disseminação global, determinou que a World Health Organization (WHO) elevasse ao patamar de pandemia. Em 16 de abril de 2020, o número de casos no mundo já superava a casa dos 2 milhões. E no Brasil, o número de casos já ultrapassava a casa dos 30 mil, com cerca de quase 2 mil mortes (BRASIL, 2020a). Os sintomas físicos da COVID-19 envolvem normalmente febre, tosse e dificuldades no trato respiratório (CARVALHO *et al.*, 2020). Esses sintomas, quando agravados levam naturalmente à morte, uma vez que necessita de cuidados em unidades de terapia intensiva, fato que tornou o processo agravado, uma vez que o sistema de saúde já havia se tornado colapsado desde o início da pandemia (FERGUNSON *et al.*, 2020). Desde o início da mesma, diversos pesquisadores ao redor do mundo, vieram a público trabalhar em cima dos impactos da pandemia, de modo a contribuir para o conhecimento de causa, a incidência de casos, número de óbitos, prevalência, entre outros processos igualmente importantes. Medidas de isolamento e casos suspeitos, fechamento de escolas e universidades, comércios e também medidas distanciamento físico foram tomadas no mundo inteiro para que se objetivasse o chamado achatamento da curva de infecção, reduzindo assim as chances de que a capacidade de leitos

hospitalares, aparelhos respiradores, bem como outros suprimentos fosse considerada suficiente para atender a demanda, que, neste momento, já era considerado gigantesca (CARVALHO *et al.*, 2020). Essa pandemia ocasionou um impacto mundial, afetando as áreas sociais e econômicas, obrigando os órgãos responsáveis a tomarem medidas que, no mínimo amenizassem o problema. Entre elas o distanciamento social, quarentena e criação de vacinas em curto período de tempo (SANTOS, 2021). Uzunian (2020) relata que o SARS-CoV-2 é responsável pela doença respiratória aguda grave (SARS), um vírus pertencente a família *Coronaviridae* cuja estrutura genética é formada por uma única molécula de RNA positivo envolto por um capsídeo e um envelope. Aproximadamente 29 diferentes proteínas virais são traduzidas a partir do material genético; entre elas, as mais relevantes são as glicoproteínas de pico, reconhecida como proteína S, e a proteína N, do nucleocapsídeo viral. A glicoproteína S permite a entrada do vírus na célula hospedeira pela ligação ao receptor celular e à fusão da membrana com o envelope viral. A proteína do nucleocapsídeo, por sua vez, regula o processo de replicação (ORNELL, 2020). Os estudos existentes até o momento trazem informações da parte clínica e comportamental da doença, assim como a farmacologia, que propõe o uso experimental de drogas com capacidade de ação, ora funcional sobre alguns indivíduos, ora sem nenhuma capacidade de ação em outros (ZHANG *et al.*, 2004; MAHALLAWI *et al.*, 2018). Da mesma forma, com o advento das vacinas, sejam de primeira, segunda ou terceira geração, tem diminuído os riscos de morte, mas não de transmissibilidade do

**Tabela 1. Sequência de nucleotídeos de RNA do gene que codifica a proteína S no SARS-CoV-2.**  
A tabela está organizada em linhas contendo 60 nucleotídeos cada.

TTTTAGATCAGACACTCTTTATTTAACTCAGGATTTATTCTTCCATTTTATTCTAATGTTACAGGGTTTCATACTATTA  
ATCATACGTTTGGCAACCCCTGTCATACCTTTAAAGGATGGTATTTAFTTGTGTCGCACAGAGAAAATCAAAATGTTGCCGT  
GGTTGGGTTTGGTTCTACCATGAACAACAAGTCACAGTCGGTGATTAFTTAACAATTTCTACTAATGTGTTATACG  
AGCATGTAACCTTTGAAATGTGTGACAAACCCCTTTCTTGTCTTTCTAAACCCATGGGTACACAGACACATACTATGATA  
TCGATAATGCATTTAAATTCACACTTCGAGTACATATCTGATGCTTCGCTTCGCTTGTATGTTTCAAGAAAGTCAGGTAATTTT  
AAACACTTACGAGAGTTTGTGTTAAAAATAAAGATGGGTTTCTCTATGTTTATAAGGGCTATCAACCTATAGAGTAGT  
TCGTGATCTACCTTCGGTTTAAACACTTTGAAACCTATTTTAAAGTTGCTCTTTGGTATTAACAATACAAAATTTAGAGC  
CATCTTACAGCCTTTTCACTGCTCAAGACATTTGGGGCACGTCAGCTGAGCCTATTTTGTGGCTATTTAAAGCCAAC  
TACATTTATGCTCAAGATGATGAAAAATGGTACAATCAAGATGCTGTTGATTTCTCAAAAATCCACTTGTCTGAACCTCA  
AATGCTCTGTTAAGAGCTTTGAGATTGACAAAGGAAFTTACCAGACCTCTAAFTTCAGGGTTGTTCCCTCAGGAGATG  
TGTGAGATTCCTCAATTTACAAAATTTGTGCTTTTGGAGAGGGTTTAAAGTACTAAAFTTCCCTCTGTCTATGCAIG  
GGAGAAAAAAAATTTCTAATTTGTGTGCTGATTAICTGTCGCTTACAACTCAACATTTTTCACCACTTTAAAGTCCCT  
ATGGCGTTTCTGCCACTAAGTTGAATGATCTTTGCTTCTCCAAATGTTCTATGCAAGATTCFTTTGTAGTCAAGGGAGATGAT  
GTAAGACAAAATAGCGCCAGGACAAAATGGTGTTATTTGCTGATTAATAATTAATAATTTGCCAGATGATTTTATGGGTGTG  
TCCCTGTGCTGGAAATAGGAAATATGATGCTACTTCAACTGGTAAATTAATAATTAATAATAGGATATCTTACAGATGCG  
AAGCTTAGGCCCTTTAGAGAGAGACATATCTAAATGTCCTTTCTCCCTGATGGCAAACCTTGCACCCCACTGCTCTTAA  
TTGTTATTTGGCCATTAATGATTTATGGTTTTTACACCCTACTGGCACTTTGGCTACCAACCTTACAGAGTTGTAGTACTTT  
CTTTTGAACCTTTAAATGCACCGCCACGGTTTGTGGACCAAAAATTAACCAGTACCTTAAAGAAACAGTGTGTCAAT  
TTTAAATTTAAATGGACTCAGTGGTGTGTTAACTCTTCTTCAAAGAGATTTCAACCAATTTCAACAAATTTGGCCG  
TGTGTTTCTGATTTCTACTGATTCGGTTCGAGATCTCTAAAACACTGAAATAATAGACATTTCACTTGCCTTTGGGG  
GTGTAAGTGTAAATACACCTGGAAACAAATGCTTCACTGAAAGTTGCTTCTATATCAAGATGTTAACTGCCTGATGTT  
TCTACAGCAATTCATGAGATCAACTCACACAGCTTTGGCCATATATCTACTGGAAACAATGATATCCAGACTCAAG  
CAGGCTGTCTTATAGGAGCTGAGCATGTCGACACTTCTATGAGTGGCAGATTCCTATTTGGAGCTGGCAATTTGTGCTAGT  
TACCATACAGTTTCTTTAATACGTAGTACTAGCCAAAAATCTATTTGTGGCTTACTATGCTTTAGGTGCTGATGATTT  
AATGCTTACTCTAATAACACCAATGTCTATACCTACTAATTTCAATGAGCAATTAACAGAAATGCTTGTCTTCTA  
TGGTAAAAACCTCCGTAGATGTAAATATGTACATCTCGCGGAGATTTCTACTGAAATGTGCTAAATTTGCTTCTCCAAATAGGT  
AGCTTTGCACACAACCTAAATCGTGCCTCTCAGGTAATGCTGCTGAACAGGATCGCAACACACGTAAGTGTTCGCTC  
AAGTCAAAACAAATGTACAAAACCCCAACTTTGAAATAATTTGGTGGTTTTAAATTTTCAAAAATAATACCIGACCCCTCA  
AAGCCAACTAAGAGGCTTTTATTTAGAGGACTTGTCTTTAAATAGGTGACACTGCTGATGCTGGCTTCATGAA  
GCAATATGGCGAATGCTTAGGTGATATAATGCTAGAGATCTCAATTTGTCGCGAGAAGTTCAAATGGACTTACAGTGTG  
CCACCTCTGCTCAGTATGATATGATTTGCTGCTTACACTGCTGCTCTAGTTAGTGGTACTGGCACTGCTGGATGGACAT  
TGGTGTCTGGGCTGCTCTTCAAAATACCTTTGCTATGCAAAATGGCAATAATAGGTTCAAATGGCAATGGCAATACCCAAAAT  
GTTCTCTATGAGAAACCAAAAAACAATCGCCAAACCAATTAACAAGGCGATTAGTCAAAATCAAGAAATCACTTACAACA  
ACATCAACTGCAATTTGGGCAAGCTGCAAGACGTTGTTAAACCAGAAATGCTCAAGCAATTAACACACTTGTAAACAACTTA  
GCCTAATTTTGGTGCATTTCAAGTGTGCTAAATGATACTCTTCGCGACTGATAAAGTCGAGGCGGAGGTACAAAT  
TGACAGGTTAATACAGGACAGACTTCAAAAGCCTTCAAAACCTATGTAACACAACAACCTAAATCAGGGCTGCTGAAATCAG  
GGCTCTGCTAATCTTGTGCTACTAAAAATGCTGAGTGTGTTCTTTGGACAAATCAAAAAGAGTTGACTTTTGTGGAAAAG  
GGCTACCAACCTTATGCTCTTCCACAAGCAGCCCGCATGGTGTGTTGCTTCTCTACATGTCACGATGTTGCCATCCCGGGA  
GAGAACTTACACAGCCGAGCAATTTGTCTATGAAGGCAAAGCAACTCTCCCTCGTGAAGGTTGTTTGTGTTAAT  
GGCACTTCTGGTTTATTTACACAGAGGAACTTCTTTCTCCACAAAATAATTAATACTACAGACAATACATTTGTCTCAGGAA  
TTGTGATGTTGTTATTTGGCAATCAATAACAACACAGTTTATGATCTCTGCAACCTGAGCTTGACTCAATCAAAAAGAGAG  
CTGGACAAGTACTTCAAAAATCAATACATCACACAGATGTTGATCTTGGCGACATTCAGGCAATTAACGCTTCTGTGCTCA  
ACATCAAAAAGAAATTTGACCGCCTCAAATGAGGTCGCTAAAAATTTAAATGAATCACTCAATGACCTTCAAGAAATTTGG  
AAAAATGAGCAATATAATTAATTTGGCTTTGGTATGTTGGCTCGGCTTCAATGCTGGACTAATTTGCCATCGTCAATGGTGA  
CAATCTGTCTTTGTGCTGACTAGTTGTGCTGAGTTGCCCAAGGGTGCATGCTCTTGTGGTCTTGTCTGCAAGTTGAT  
GAGGATGACTCTGAGCCAGTTCTCAAGGGTGTCAAAATTACATACACATAA.

Fonte: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

**Tabela 2. Sequência de aminoácidos codificados pelo RNAm da proteína S.**

MFIFLLFLTLTSGSDLDRCTTFDDVQAPNYTQHTSSMRGVVYYPDEFIRSDLYLTQDLFLPFYSNVTGFHTINHTFGNPVIFPK  
DGIYFAATEKSNVVRGWVFGSTMNNKSQSVIIIINNTNVVIRACNFCNLPFFAVSKPMGTQHTMIFDNFNCFTFEYISDA  
FSLDVSEKSGNFKHLREFVFNKNDGFLYVYKGYQPIDVVRDLPSGFNTLKPIFKPLGINTNFRAILTAFAQAQDIWGTSA  
YFVGYLKPFTFMLKYDENGTTIDAVDCSQNPLAELKCSVKSFEIDKGYQTSNFRVVPSPGDVVRFPNITNLCPFGEVFNATKF  
PSVYAWERKKISNCVADYSVLYNSTFFSIFKCYGVSATKLNLCFSNVYADSFVVKGDDVVRQIAPGQTGVIADYNYKLPDD  
FMGCVLAWNTRNIDASTGNYNKYRYLHRHGKLRPFPERDISNVVPSDPGKPCPPALNICYWPLNDYGYFTTTGIGYQPYR  
VVLSEFLLNAPATVCGPKLSTDLKNCQVNFNENGLTGTGVLTPSSKRFPQFQFGRDVSDFTDVSRDPKTSSELDISPCAFGG  
VSVITPGTNASSEVAVLYQDVNCTDVAIHADQLTPAWRIYSTGNVVFQTQAGCLIGAEHVDTSYECDIPIGAGICASYHTV  
SLLRSTSQKSIVAYTMSLGDSSIAYSNNTIAPTNSISITTEVMPVSMAKTSVDCNMYICGDSSTECANLLQYGSFCTQLNR  
ALSGIAAEQDRNTREVFVAQVKQMYKPTLKYFGGFNFSQLPDPLKPTKRSFIEDLLFNKVTLADAGFMKQYGECLGDINAR  
DLICAQKFNGLTVLPPLLTDDMIAAYTAALVSGTATAGWTFGAGAALQIPFAMQMAFYRNGIGVQNVLYENQKQIANQFN  
KAISQIQESLTTSTALGKLQDVVNQNAALNLTVKQLSSNFGAISSVLDILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQTYVVTQQL  
IRAAEIRASANLAATKMSCEVLGQSKRVDFCGKGYHLSFPQAAPHGVVFLHVTVVPSQERNFTTAPAICHEGKAYFPREG  
VYFNGTSWGFTQRNFSPQIITDNTFVSGNCDVVGIIINNTVYDPLQPELDSFKEELDXYFKNHTSPDVLDGDISGNASVVN  
IQKEIDRLNEVAKNLNESLIDLQELGKYEQYKWPWYVWLGFIAGLIAIVMTILLCCMTSCCSCLKGACSCGSCCKFDEDD  
EPVLKGVKLYHT.

Fonte: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/fastaformat/>

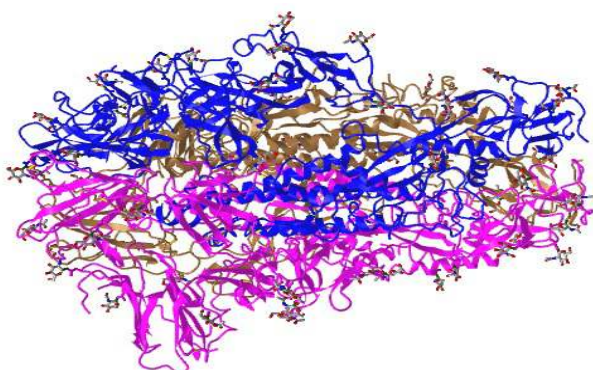
vírus, portanto, torna-se relevante o aprofundamento dos estudos da COVID-19 nas áreas genômicas, transcriptômica e proteômica, com o intuito de melhor esclarecer a estrutura viral e suas interações com células do hospedeiro (Eakachai *et al.*, 2020). Neste sentido, o sequenciamento do genoma do SARS-CoV-2, que já foi realizado, foi de extrema importância para a compreensão da fisiopatologia da doença e também para o desenvolvimento de vacinas (NCBI). Para as análises de material genético viral, os estudos *in silico* surgiram como grandes ferramentas, possibilitando a análise e comparação de sequências do material genético do novo coronavírus em um período de tempo relativamente curto se comparado com análises feitas por técnicas não automatizadas. Portanto, este trabalho objetiva realizar uma análise básica do tipo genômica, transcriptômica e proteômica da proteína S do SARS-CoV-2 e correlacionar com a estrutura viral e mecanismos de infecção do vírus.

**Tabela 3. Lista de aminoácidos utilizados pelos ribossomos transportadores para síntese da proteína S.**

A	Ala	Alanina
B	Asx	Asparagina ou Aspartato
C	Cis ou Cys	Cisteína
D	Asp	Aspartato (Ácido aspártico)
E	Glu	Glutamato (Ácido glutâmico)
F	Fen ou Phe	Fenilalanina
G	Gli ou Gly	Glicina
H	His	Histidina
I	Ile	Isoleucina
K	Lis ou Lys	Lisina
L	Leu	Leucina
M	Met	Metionina
N	Asn	Asparagina
P	Pro	Prolina
Q	Gln	Glutamina (Glutamida)
R	Arg	Arginina
S	Ser	Serina
T	Tre ou Thr	Treonina
V	Val	Valina
W	Trp	Triptofano (Triptofana)
Y	Tir ou Tyr	Tirosina
Z	Glx	Glutamina ou Glutamato

**Estrutura 3D da Proteína S da Covid-19:** A proteína S pode apresentar pequenas variações nas diferentes variantes do novo coronavírus, no entanto, diversas partes do material genético do vírus parental são preservadas ao longo da evolução, ou sofrem poucas mutações durante todo o processo. Esta proteína possui peso molecular entre 180 a 200 kDa e é formada basicamente por uma quantidade de aminoácidos variando entre 1273 e 1300. O formato da proteína é em forma de cravo com sítios de ligação localizados no pico da estrutura, o que possibilita a interação com a proteína conversora de angiotensina I (ECA-I), presente nas células humanas (ALMEHDI *et al.*, 2021). A forma tridimensional da proteína S pode ser observada na figura Figura 1.

**Figura 1. Representação tridimensional da proteína S do novo coronavírus (SARS-CoV-2)**



Fonte: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/structure/>

## METODOLOGIA

O presente trabalho é baseado em análises *in silico* através de plataformas online disponíveis gratuitamente. As bases teóricas foram levantadas a partir de dados extraídos do PUBMED; já os estudos *in silico* foram divididos em três etapas: 1) Busca por informações genômicas gerais no banco de dados GeneBank (disponível online: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) acerca do gene envolvido com a proteína estudada; 2) Análises de sequências de nucleotídeos e aminoácidos, realizadas através da plataforma online FASTA (disponível online: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/fastaformat/>); e reprodução tridimensional da proteína S do novo coronavírus em formato real não ligada, através da plataforma Structure (disponível online: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/structure/>).

## RESULTADOS

**Análise Genômica e Transcriptômica da Proteína S:** O SARS-CoV-2 é um vírus de RNA de polaridade positiva, portanto, o próprio material genético do vírus é o RNAm, que é traduzido no citoplasma da célula infectada. A proteína S está localizada no genoma viral na sequência de nucleotídeos entre 21563 e 25384. Possui peso molecular em torno de 180 a 200 kDa e está ancorada no envelope viral, com parte extracelular N-terminal, domínio transmembrana e uma curta estrutura interna C-terminal. É considerada a principal proteína para a fisiopatologia da COVID-19 por interagir com as células através da enzima conversora de angiotensina-2 (ACE2), processo que resulta na fusão do envelope viral com a membrana da célula e posterior entrada do nucleocapsídeo no citoplasma celular. Onde ocorre os processos de replicação (Pereira *et al.*, 2020). A tabela 1 contém a sequência genômica de nucleotídeos de RNA referente a codificação da proteína S.

**Análise Proteômica da Proteína S:** Após internalização do nucleocapsídeo e desnudamento do RNA viral no citoplasma celular, este sofre a ação dos ribossomos, os quais leem as trincas do RNAm e traduzem em aminoácidos, resultando na formação dos peptídeos proteicos, que dão origem às proteínas funcionais do vírus, tantos os processos, que estão envolvidas na replicação do genoma; quanto as tardias, que são as estruturais, responsáveis pela montagem de novos vírions (Versiani *et al.*, 2021). A tradução do RNAm viral está representada na tabela 2 e a legenda dos aminoácidos que formam o peptídeo pode ser observada na tabela 3.

## CONCLUSÃO

O novo coronavírus em pouco tempo espalhou-se por todo o mundo, tomando proporções pandêmicas. Diante desta situação, a principal defesa contra a nova virose foi o isolamento social e as rápidas pesquisas científicas envolvendo o novo vírus. Para que o desenvolvimento de vacinas ocorra, é de extrema importância o conhecimento estrutural do novo agente etiológico, bem como a identificação e sequenciamento do seu genoma. A rapidez com que essas análises ocorreram podem ser, em partes, ligadas ao desenvolvimento de softwares que aceleram os processos de análises e comparações genômicas. Portanto, o GeneBank, FASTA e Structure, ambas plataformas disponíveis no PUBMED, são ferramentas com importantes contribuições para estudos genômicos, transcriptômicos e proteômicos no que diz respeito a compreensão das proteínas que compõem o novo coronavírus, especialmente a proteína S, considerada chave para que ocorra a entrada dos vírus nas células. Apesar da estrutura desta classe viral já ser bastante conhecida, estudos constantes são necessários para uma melhor compreensão de como esses microrganismos evoluem e dão origem a novas variantes, com maior capacidade de disseminação e resistência.

## REFERENCES

- Aquino, E. M., Silveira, I. H., Pescarini, J. M., Aquino, R., Souza-Filho, J. A. D., Rocha, A. D. S., & Lima, R. T. D. R. S (2020). Medidas de distanciamento social no controle da pandemia de COVID-19: potenciais impactos e desafios no Brasil. *Ciência & Saúde Coletiva*, 25(suppl 1), 2423-2446.
- Barreto, B. P. P., de Miranda Arraes, G. G., da Silva Cambraia, L., Macedo, L. F., Bührnheim, M. E. S., de Oliveira, R. D. C. S., ... & da Rocha Bastos, T (2021). Drogas off label na COVID-19: Mecanismo de ação e atualizações The use of off label drugs for COVID-19: Mechanisms of action and updates. *Brazilian Journal of Health Review*, 4(3), 10247-10269.
- Carvalho, P. M. M., Moreira, M. M., Oliveira, M. N. A., Landim, J. M. M., & Rolim Neto, M. L (2020). The psychiatric impact of the novel coronavirus outbreak. *Psychiatry Research*, 286(112902).
- Dantas, K. L. S., Rosário, W. R., Lima, A. G. L., Lucena, A. Y. R., de Sousa, T. J. D., Casarin, J. N., ... & Pereira, D. M. S (2021). SARS-CoV-2: a view on its origin, transmission, genetic characteristics and pathogenicity. *Revista Eletrônica Acervo Saúde*, 13(6), e7567-e7567.
- Ferguson, N., Laydon, D., Nedjati-Gilani, G., Imai, N., Ainslie, K., Baguelin, M., ... & Ghani, A. C. (2020). Report 9: Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID19 mortality and healthcare demand. Imperial College London, 10(77482), 491-497.
- Oda AMGR, Leite S (2020). A pandemia de COVID-19 no Brasil: em busca de sentidos em meio à tragédia. *Revista Latinoamericana de Psicopatologia Fundamental*, v. 23, p. 467-473.
- Ornell, F., Schuch, J. B., Sordi, A. O., & Kessler, F. H. P (2020). "Pandemic fear" and COVID-19: mental health burden and strategies. *Brazilian Journal of Psychiatry*, v. 42, p. 232-235.
- Pereira, N. G., Oliveira, L. F., Ortega, J. R., Versiani, M. S., de Oliveira, A. M. E., de Oliveira Xavier, A. R. E., & de Sousa Xavier, M. A (2021). Bioinformática como ferramenta na análise de epitopos antigênicos no design de vacinas contra *Anaplasma marginale*, *Leishmania spp.*, SARS-Cov-2 e toxina de *Clostridium septicum*. *Brazilian Journal of Development*, 7(4), 41634-41650.
- Uzunian A (2020). Coronavirus SARS-CoV-2 and Covid-19. *Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial*, 56(1-4).
- Versiani, M. S., Pereira, N. G., Barbosa, F. S., Leite, L. R. P., de Sousa Xavier, M. A., Bragança, C. R. S., ... & de Oliveira Xavier, A. R. E (2021). Artigo revisão integrativa: genômica e proteômica SARS-COV-2. *Brazilian Journal of Development*, 7(2), 17156-17170.
- Wang, C., Pan, R., Wan, X., Tan, Y., Xu, L., Ho, C. S., & Ho, R. C (2020). Immediate psychological responses and associated factors during the initial stage of the 2019 coronavirus disease (COVID-19) epidemic among the general population in china. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17(5), 1729.

\*\*\*\*\*