


08 de junho de 2020

Acesse [o portal do OBTEC COVID-19](#) para o histórico de notícias e artigos científicos, estudos de PI e financiamentos relacionados ao novo coronavírus.

**ESTUDOS  
SOBRE COVID-19**

DISPONÍVEIS:

1. Panorama das Patentes Depositadas no INPI Descrevendo Métodos de Diagnóstico para Coronavírus e Outras Vírus Respiratórias
2. Pedidos de Patente de Ventiladores Pulmonares
3. REMDESIVIR: Mecanismo de ação, ensaios clínicos e pedidos de patentes depositados no INPI
4. RITONAVIR/LOPINAVIR/INTERFERON: Mecanismo de ação, ensaios clínicos e pedidos de patentes e patentes concedidas no Brasil
5. FAVIPRAVIR: Tratamento da COVID-19 e pedidos de patentes depositados no INPI

gov.br/inpi 

**TRÂMITE  
PRIORITÁRIO**

Conheça as modalidades disponibilizadas pelo INPI e o passo a passo de como solicitar.

gov.br/inpi 

**FINANCIAMENTO  
& INCENTIVOS**

No observatório de tecnologias do INPI encontre a lista atualizada de financiamentos e incentivos disponíveis para Pesquisa Desenvolvimento e Inovação de tecnologias relacionadas ao COVID-19

gov.br/inpi 

## DESTAQUES

Estudo compara o genoma humano com outros genomas virais para determinar algumas das características das seqüências humanas encontradas nos vírus. A sequencia genômica do vírus da hepatite A e a encefalite de St Louis têm seqüências humanas mais longas que a seqüência SARS-CoV-2 com 117 bases, mas estavam em regiões não codificadoras do genoma humano. A seqüência SARS-CoV-2 foi a única seqüência longa encontrada em um gene humano (NTNG1) que está próxima a seqüência da proteína spike separada apenas por NSP16, uma seqüência de bases 904. Os coronavírus relacionados SARS-CoV tinham uma seqüência humana de 41 BP no cromossomo 3 que não fazia parte de um gene humano, e o MERS não possuía seqüência humana (Junho/2020). Fonte: [In Vivo](#)

Artigo cita as 10 candidatas à vacina que estão com seus ensaios clinicos mais avançados e cita que o desenvolvimento de uma vacina é muito longo. Embora muitos especialistas em doenças infecciosas argumentem que até 18 meses para uma primeira vacina é um cronograma incrivelmente agressivo, uns poucos otimistas acreditam que centenas milhões de doses da vacina podem estar prontas para o lançamento até o final de 2020. Apesar dos riscos com os resultados clínicos, as instituições já estão começando a aumentar a produção (06/06/2020). Fonte: [The Lancet](#)

## MEDICAMENTOS

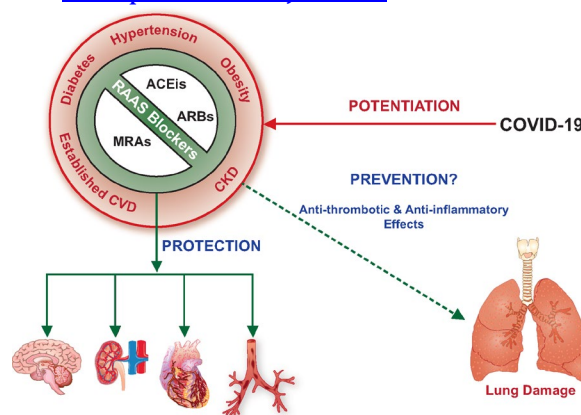
O estudo foi realizado no Vigibase®, o banco de dados de farmacovigilância da OMS, que registra todos os Relatórios de Segurança de Casos Individuais de mais de 130 países entre 1 de janeiro de 2010 e 31 de dezembro de 2019 incluindo homens ou mulheres com idade



≥ 18 anos. Os resultados mais interessantes são a alta porcentagem relativa de efeitos colaterais cardíacos (cardiomiopatia e arritmias = 8,3%), mostrando que a hidroxicloroquina possui uma toxicidade miocárdica direta e pode perturbar o ritmo cardíaco. O fato de as mortes relatadas serem mais de uma em três vezes de origem cardíaca está de acordo com esta conclusão. A estreita faixa terapêutica da hidroxicloroquina também explica a alta porcentagem relativa de envenenamento (06/06/2020). Fonte: [European Journal of Clinical Pharmacology](#)

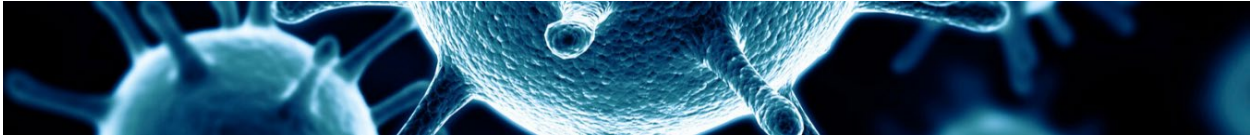
Estudo realizado por pesquisadores da UFMG através de screening computacional encontrou 12 fármacos de origem natural com potencial para combater a COVID-19 (08/06/2020). Fonte: [UFMG](#)

Estudo com dados obtidos em uma análise retrospectiva adequadamente controlada comprova a ausência da necessidade de retirar os bloqueadores do sistema renina-angiotensina-aldosterona. Aspecto positivo destes bloqueadores são suas propriedades antitrombóticas que podem melhorar as frequentes complicações trombóticas ou tromboembólicas da COVID-19 podendo ser uma indicação para melhorar o prognóstico da doença (04/06/2020). Fonte: [European Heart Journal](#)



Estudo para avaliar o envolvimento da IL-6 na infecção pelo SARS-CoV-2 e posicionar o siltuximabe como opção de tratamento de formas graves de COVID-19 (04/06/2020). Fonte: [European Journal of Hospital Pharmacy](#)

Pesquisadores revisam as evidências dos 8 relatórios mais recentes, incluindo 3 ensaios clínicos randomizados, sobre a eficácia clínica do remdesivir no tratamento de pacientes com COVID-19 e concluem que é prematuro demais identificar o remdesivir como uma intervenção curativa ou salvadora de vidas (07/06/2020). Fonte: [New Microbes and New Infections](#)



## DIAGNÓSTICO

Autores descrevem que o gen nsp1, localizado na extremidade 5' do genoma SARS-CoV-2, é altamente expresso nas amostras nasofaríngeas ou salivares de pacientes com COVID-19. Com base nessa descoberta, foi desenvolvido um novo ensaio de RT-PCR nsp1 em tempo real. Os primers e sondas são altamente específicos para SARS-CoV-2. A validação com 101 amostras clínicas mostrou que o ensaio nsp1 RT-PCR tem uma sensibilidade de 93,1%, semelhante aos dos ensaios RT-PCR dos genes N e E. A especificidade diagnóstica foi de 100%. A adição de nsp1 para a detecção de SARS-CoV-2 em vários alvos pode evitar resultados falso-negativos devido a mutações nos locais de ligação dos primers / sondas dos ensaios de RT-PCR atualmente disponíveis (05/06/2020). Fonte: [Journal of Medical Virology](#).

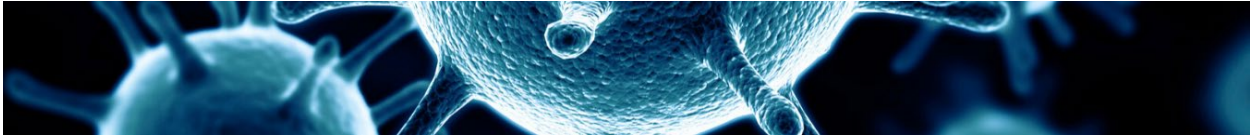
## CIÊNCIA

Estudo compara o genoma humano com outros genomas virais para determinar algumas das características das sequências humanas encontradas nos vírus. A sequência genômica do vírus da hepatite A e a encefalite de St Louis têm sequências humanas mais longas que a sequência SARS-CoV-2 com 117 bases, mas estavam em regiões não codificadoras do genoma humano. A sequência SARS-CoV-2 foi a única sequência longa encontrada em um gene humano (NTNG1) que está próxima a sequência da proteína spike separada apenas por NSP16, uma sequência de bases 904. Os coronavírus relacionados SARS-CoV tinham uma sequência humana de 41 BP no cromossomo 3 que não fazia parte de um gene humano, e o MERS não possuía sequência humana (Junho/2020). Fonte: [In Vivo](#)

Estudo analisou 320 sequências de genoma completo e 320 de proteína spike de SARS-CoV-2 usando alinhamento de múltiplas sequências. Neste estudo, foram identificadas 483 variações únicas entre os genomas de SARS-CoV-2, incluindo 25 mutações não sinônimas e uma exclusão na proteína spike (S). Análises filogenéticas da proteína spike revelaram que o coronavírus Bat possui uma estreita relação evolutiva com o SARS-CoV-2 circulante. Com base nos resultados aqui relatados, inibidores potenciais contra a proteína S podem ser projetados considerando essas variações e seu impacto na proteína (02/06/2020). Fonte: [Infection, Genetics and Evolution](#)

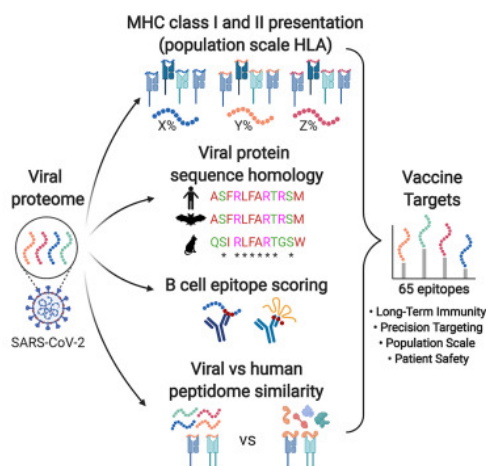
## VACINAS

Artigo cita as 10 candidatas à vacina que estão com seus ensaios clínicos mais avançados e cita que o desenvolvimento de uma vacina é muito longo. Embora muitos especialistas em doenças infecciosas argumentem que até 18 meses para uma primeira vacina é um cronograma incrivelmente agressivo, uns poucos otimistas acreditam que centenas milhões de doses da vacina podem estar prontas para o lançamento até o final de 2020. Apesar dos riscos com os resultados clínicos, as instituições já estão começando a aumentar a produção (06/06/2020). Fonte: [The Lancet](#)

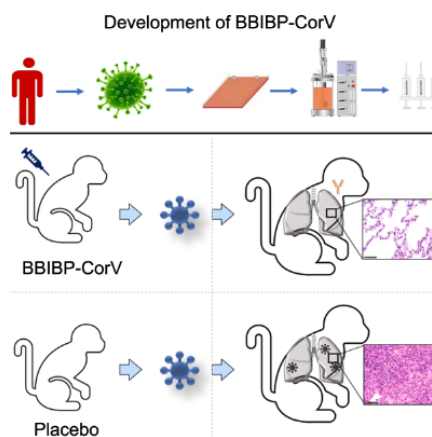


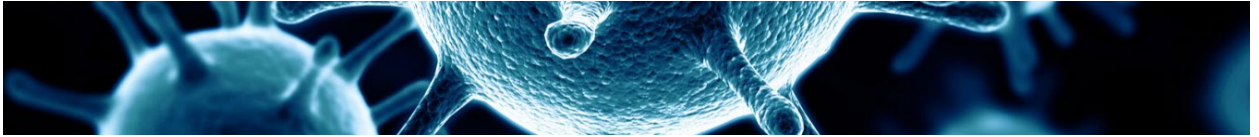
O artigo faz um apanhado das principais vacinas em teste clínico e aborda o uso potencial do alúmen como adjuvante farmacotécnico para seu desenvolvimento, discorrendo sobre sua segurança e efetividade baseado no seu uso em outras vacinas já comercializadas (04/06/2020). Fonte: [Nature Reviews Immunology](#)

Os autores propõem conceitos para o desenvolvimento de vacinas baseados na identificação de regiões altamente conservadas do genoma viral para gerar epítomos apresentados no MHC classe I e II. Priorizando regiões genômicas que geram peptídeos altamente diferentes do proteoma humano. O estudo apresenta 65 peptídeos candidatos a vacina. (08/06/2020) [Cell Reports Medicine](#)



Artigo apresenta o desenvolvimento de um candidato a vacina inativada, BBIBP-CorV, com potente proteção contra SARS-CoV-2. O estudo demonstrou que a vacina parece segura e induziu altos níveis de anticorpos protetores contra SARS-CoV-2 em vários modelos animais (rato, camundongo, coelho, primatas não humanos) (05/06/2020). Fonte: [Cell](#).





Artigo apresenta novo teste baseado em centrifugação para avaliação da eficiência de filtração de materiais para confecção de máscaras sob pressão semelhante a de um espirro. O método oferece uma maneira simples para explorar novos materiais para manufatura de máscaras durante pandemias (06/2020). Fonte: [International Journal of Experimental and Clinical Pathophysiology and Drug Research](#).

### VENTILADORES

Artigo compara técnicas de ventilação não invasiva, que evitam a intubação translaríngea, reduzindo a ventilação mecânica invasiva no tratamento da COVID-19 grave. Os autores incluíram 25 estudos com 3804 pacientes com insuficiência respiratória aguda e na análise descobriram que, em comparação com a oxigenoterapia padrão, a ventilação não invasiva do capacete, da máscara facial e cânula nasal de alto fluxo estão associados a um menor risco de intubação endotraqueal. Ademais, os pesquisadores verificaram que as formas de ventilação não invasiva por capacete e por máscara facial também foram associadas a um menor risco de morte (04/06/2020). Fonte: [Jama](#)

### OUTRAS TECNOLOGIAS

Estudo faz uma revisão sobre as superfícies inanimadas como fonte potencial de propagação de SARS-CoV-2 e sua desinfecção com agentes biocidas. O SARS-CoV-2 permanece infeccioso no ar por 3 horas e em superfícies inanimadas, como papelão, cobre, plástico e aço até 24, 4, 72 e 48 h, respectivamente. Vários agentes biocidas podem ser usados contra os coronavírus: como etanol (62-71%), hipoclorito de sódio (0,1%) e peróxido de hidrogênio (0,5%) (05/06/2020). Fonte: [Virus Disease](#)

### INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL

Estudo propõe um consórcio internacional (CCC), que servirá como um centro para a integração (rastreamento e compartilhamento) de informações relacionadas ao COVID-19. Como objetivo tem-se a previsão de pontos críticos de surtos de doenças; a identificação de fatores que controlam a taxa de propagação; informar decisões políticas imediatas; a avaliação da eficácia das medidas adotadas pelas organizações de saúde no controle de pandemia; e fornecimento de informações críticas sobre a etiologia do COVID-19 (02/06/2020). Fonte: [Nature Medicine](#)

Grupo liderado por pesquisadores do Departamento de Ciência da Computação (DCC) da UFMG trabalha em projeto que visa oferecer um sistema on-line capaz de centralizar os dados de raio-x e tomografias de pacientes diagnosticados com a COVID-19 ou com sintomas da infecção. O objetivo é que pesquisadores e profissionais de saúde acrescentem imagens a um repositório e recebam relatórios com propriedades extraídas dessas imagens, que vão apoiar o diagnóstico de doenças pulmonares (08/06/2020). Fonte: [UFMG](#)