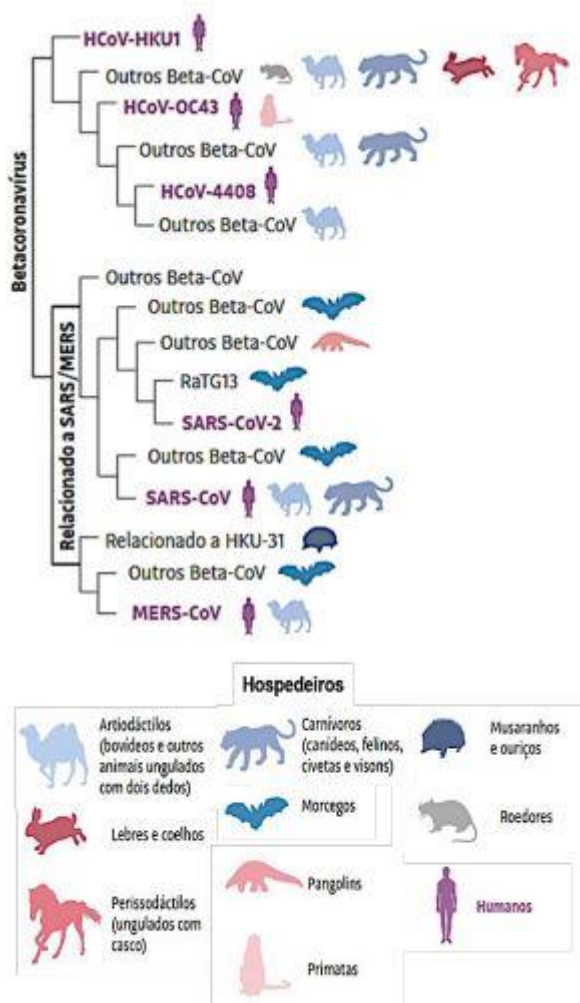


Questão 69

Teorias sobre como o novo coronavírus (SARS-CoV-2) que passou a infectar os humanos surgiram em 2019. Foi aventada a possibilidade de transmissão zoonótica. Um estudo filogenético, com mais de 2 mil genomas únicos de coronavírus, apresentou a provável descendência de alguns coronavírus e alertou sobre a importância de investigar os vírus, como estratégia global de monitoramento de endemias, e não apenas em situações de emergência sanitária.

(Adaptado de Denis Jacob Machado e outros. *Cladistics*, Londres, v. 37, out. 2021, p. 461-488.)

O cladograma a seguir apresenta as relações filogenéticas entre os diversos vírus do gênero *Betacoronavirus* (Beta-CoV), incluindo seus respectivos hospedeiros.



(Adaptado de <https://www1.folha.uol.com.br/ciencia/2021/05/maior-estudo-evolutivo-de-coronavirus-...>. Acessado em 15/06/2021.)

A partir do cladograma, é correto afirmar que os betacoronavírus de

- a) artiodáctilos são os grupos irmãos dos HCoV-4408 e SARS-CoV-2 de humanos, por meio de hospedeiros intermediários.
- b) morcegos são os grupos irmãos dos SARS-CoV-2 e HCoV-OC43 de humanos, por meio de hospedeiros intermediários.
- c) artiodáctilos são os grupos irmãos dos SARS-CoV, SARS-CoV-2 e MERS-CoV de humanos.
- d) morcegos são os grupos irmãos dos SARS-CoV, SARS-CoV-2 e MERS-CoV de humanos.

#### **ALTERNATIVA D**

No cladograma apresentado, os grupos identificados como irmãos são aqueles que apresentam o ancestral comum mais próximo. Essa relação de parentesco evolutivo entre os vírus apresentados nesse cladograma é encontrada entre os vírus SARS-CoV; SARS CoV-2 e MERS- CoV que contaminam humanos e os vírus que contaminam morcegos.