



Análise das publicações sobre coronavírus utilizando redes bibliométricas

Eduardo Amadeu Dutra Moresi 

Universidade Católica de Brasília - Brasília (DF) - Brasil

Isabel Pinho 

Universidade de Aveiro - Aveiro - Portugal

RESUMO

Objetivo: Realizar uma análise dos documentos publicados na base Scopus, antes e depois da declaração da pandemia pela Organização Mundial da Saúde (OMS), utilizando a análise de redes bibliométricas para interpretar os resultados. **Métodos:** Trata-se de pesquisa bibliográfica realizada em 2021 na base Scopus, selecionando os artigos publicados em periódicos e conferências. Os metadados da pesquisa bibliográfica foram analisados em dois períodos - antes e depois da declaração da pandemia, utilizando-se como ferramenta analítica visual os softwares *CiteSpace*, *VOSviewer* e *Gephi* para o cálculo das métricas. **Resultados:** No período anterior à declaração da pandemia, o *CiteSpace* gerou a rede de cocitação com 20.438 documentos, de 1951 a março de 2021. A análise revelou uma concentração de publicações em 2003, devido à síndrome respiratória aguda grave (SARS), que surgiu em 2002. No período da pandemia, foram analisadas 120.868 publicações, de 1951 a abril de 2021, que se concentraram no tema COVID-19. **Conclusão:** Conclui-se que a COVID-19 mobilizou a comunidade científica na busca de soluções para a pandemia. Autores e publicações relevantes são cocitados criando redes de conhecimento que consolidam este tema.

Descritores: Coronavírus; COVID-19; Bibliometria.

INTRODUÇÃO

O coronavírus pertence a uma grande família de vírus que geralmente causam doenças leves a moderadas do trato respiratório superior, como o resfriado comum. No século XXI, os surtos de coronavírus surgiram pela transmissão por animais, causando doenças graves e problemas em escala global⁽¹⁾.

Existem centenas de coronavírus, a maioria dos quais circula entre animais, incluindo porcos, camelos, morcegos e gatos. Às vezes, esses vírus são transmitidos para os humanos - chamados de evento de transbordamento - e podem causar doenças. Três dos coronavírus podem ter resultados mais sérios nas pessoas, e essas doenças são: a SARS (síndrome respiratória aguda grave) que surgiu no final de 2002 e desapareceu em 2004; a MERS (síndrome respiratória do Oriente Médio), que surgiu em 2012 e permanece em circulação nos camelos; COVID-19, que foi divulgada como tendo surgido em dezembro de 2019 na China e um esforço global está em andamento para conter seu *spread*. A COVID-19 é causada pelo coronavírus SARS-CoV-2⁽²⁻⁴⁾.

O surto de doença por coronavírus em dezembro de 2019 colocou o tema sob o foco da necessidade de informação de qualidade para um diverso leque de pesquisadores e produtores de informação. A necessidade de basear a tomada de decisão em evidência é prioritária para que o impacto dessa doença seja minimizado⁽³⁾.

A síndrome respiratória aguda grave, coronavírus 2 (SARS-CoV-2), e a nova doença do coronavírus (COVID-19) têm sido motivos de grande preocupação para a comunidade de saúde em geral, mas principalmente para médicos especializados em doenças infecciosas, medicina pulmonar e cuidados intensivos⁽⁵⁾.

A comunidade científica está mobilizada para uma rápida e eficaz apresentação de soluções. Não só em nível científico, mas também em nível da cidadania responsável, onde a informação se torna um recurso relevante para diversos interessados. Políticos e gestores de organizações são chamados a tomar decisões que afetam o cotidiano,



Este artigo está publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons, que permite uso, distribuição e reprodução em qualquer meio, sem restrições, desde que o trabalho seja corretamente citado.

Este artigo foi selecionado, corrigido e aprovado pelo 9º Ciaiq - Congresso Ibero-Americano em Investigação Qualitativa, seguindo suas normas e formatação.

a economia e principalmente a saúde de populações em todos os níveis. Em nível prático, as decisões sobre como, por exemplo, aplicar a quarentena requerem uma base sólida baseada nas melhores evidências disponíveis. Uma pergunta é transversal a todos estes interessados em recolher e usar a informação: quais as frentes de pesquisa sobre o coronavírus?

O mapeamento científico pode utilizar métodos bibliométricos para examinar como as disciplinas, campos, especialidades e documentos individuais estão relacionados entre si. Produz uma representação espacial dos achados análogos aos mapas geográficos^(6,7). Esse tipo de mapeamento é uma combinação de classificação e visualização⁽⁸⁾. A visualização revelou-se uma abordagem poderosa para analisar uma grande variedade de redes bibliométricas, desde redes de relações de citação entre publicações ou periódicos até redes de relações de coautoria entre pesquisadores ou redes de relações de coocorrência entre palavras-chave. A meta é criar uma representação da estrutura da área de pesquisa, particionando elementos (documentos, autores, periódicos, palavras) em diferentes grupos. A visualização é então usada para criar uma representação visual da classificação que emerge. Portanto, o objetivo deste artigo é realizar uma análise dos documentos publicados na base Scopus, antes e depois da declaração da pandemia pela Organização Mundial da Saúde (OMS), utilizando a análise de redes bibliométricas para interpretar os resultados.

MÉTODOS

Trata-se de pesquisa bibliográfica realizada em 2021. Este estudo adotou o método de revisão bibliométrica, porque este tipo de análise fornece uma ferramenta útil para inferir conhecimentos de um corpo de literatura e interpretar a evolução, distribuição e desenvolvimento de pesquisas em um determinado campo^(9,10).

Com base nas análises da coocorrência de palavras-chave e da cocitação, a cientometria pode ajudar os pesquisadores a entender o mapeamento do conhecimento dos campos científicos e rastrear fronteiras de desenvolvimento⁽¹⁰⁾.

A pesquisa bibliográfica foi realizada na base Scopus e capturou informações divididas em dois períodos: antes da pandemia – de 1951 a março de 2020, e após a declaração da pandemia com a inclusão dos anos de 2020 e 2021 – de 1951 a 2021.

O diagrama de fluxo da seleção e análise de dados é ilustrado na Figura 1.

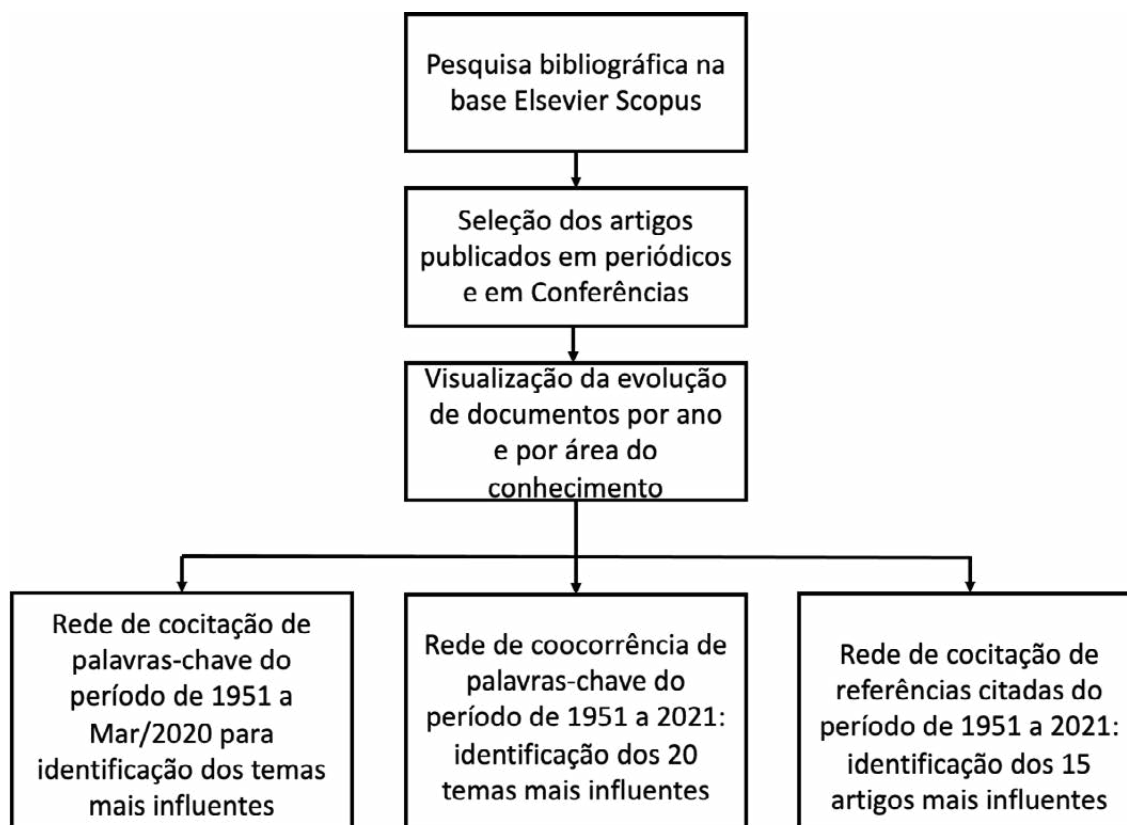


Figura 1 - Fluxo da análise bibliométrica da pesquisa bibliográfica sobre Coronavírus.

Neste artigo, foi utilizado o *CiteSpace*, que é um *software* gratuito e popular, projetado especificamente para explorar as tendências emergentes e mudanças importantes em várias áreas de pesquisa⁽¹¹⁻¹³⁾. Ele utiliza um conjunto de registros bibliográficos como entrada e delinea a estrutura intelectual do domínio do conhecimento por meio de redes de cocitação de documentos e algoritmos de localização⁽¹⁴⁾. Portanto, no presente estudo, o *CiteSpace* foi escolhido como a ferramenta analítica visual para analisar a literatura existente sobre o tema da Coronavírus no período de 1951 a março de 2020.

Devido à grande quantidade de referências bibliográficas coletadas para o período de 1951 a 2021, não foi possível utilizar o *CiteSpace*. Como alternativa, foi utilizado o *software* gratuito *VOSviewer*^(15,16) para gerar a rede de coocorrência de palavras-chave e de cocitação de referências citadas. Para calcular as métricas de redes, foi utilizado o *software* gratuito *Gephi*⁽¹⁷⁾.

Alguns parâmetros no *CiteSpace* devem ser adequadamente definidos de acordo com os objetivos da pesquisa: o valor da escala de tempo foi definido como 1, o que significa que todo o intervalo de tempo foi dividido em várias fatias de 1 ano para o processamento de dados; para formar as redes finais, foram seguidos os critérios de seleção do “nó”, “*Top 50 por slice*” e “Interpolação do limite”. “*Top 50 por slice*” significa que os 50 itens mais citados ou ocorridos de cada ano serão selecionados para construir uma rede. Quando o número de itens não for grande o suficiente para apresentar uma rede, a Interpolação do limite é usada.

Além disso, as métricas utilizadas neste estudo foram a cocitação por explosão (*Co-citation Bursts*), que fornece evidências de que uma publicação específica está associada a um aumento nas citações⁽¹⁴⁾. O *CiteSpace* rotula cada *cluster* com base em três algoritmos especializados - frequência inversa de documentos (TF*IDF), testes de probabilidade de log (LLR) e testes de informação mútua (MI). O LLR geralmente fornece o melhor resultado em termos de exclusividade e cobertura⁽¹¹⁾. Assim, no presente estudo, a LLR foi empregada.

Para garantir a qualidade da análise de *cluster*, dois indicadores importantes devem ser verificados para medir as propriedades estruturais da rede. A modularidade Q representa a extensão em que uma rede pode ser separada em múltiplos componentes. Uma alta modularidade pode indicar uma rede bem estruturada, mas redes com pontuações de modularidade de 1 ou muito próximas de 1 podem refletir o comportamento ou preferência de citação de um único artigo, portanto, é menos representativo⁽¹⁴⁾. O valor da silhueta representa o nível de incerteza ao interpretar a natureza do *cluster*, isto é, a homogeneidade de um *cluster*. Seu valor varia entre - 1 e 1. Quanto mais próximo o valor de 1, mais consistentes são os membros do *cluster*. Neste estudo, espera-se que a rotulagem do *cluster* seja mais direta, com um valor de silhueta superior a 0,5.

As redes de coocorrências de palavras-chave são obtidas a partir da extração de termos do título e do resumo de uma publicação ou da lista de palavras-chave fornecidas pelo autor de uma publicação. Em alguns casos, especialmente na literatura mais antiga, as palavras-chave são restritas a uma única palavra, mas em outros casos também incluem termos que consistem em várias palavras. O número de coocorrências de duas palavras-chave corresponde à quantidade de publicações nas quais as duas palavras-chave ocorrem juntas no título, no resumo ou na lista de palavras-chave⁽¹⁵⁾.

Assim, a análise de coocorrência de palavras-chave foi gerada utilizando o *software* *VOSviewer*^(15,16). Os metadados foram lidos e foi selecionada a opção de cocitação de referências citadas. O *VOSviewer* tem a opção, para este tipo de rede, de ser usado um arquivo de tesouros para normalizar as referências bibliográficas e tornar o resultado mais preciso.

A rede foi exportada em formato GML para ser recuperada no *Gephi*⁽¹⁷⁾, de modo a serem calculadas as métricas de redes: modularidade de classes e centralidades de grau e de autovetor. A centralidade de autovetor atribui relevância a um nó em função de sua relação com os demais vértices da rede. Se um nó está ligado a outros que se encontram em uma posição central na rede, o mesmo terá um valor alto de centralidade de autovetor.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A pesquisa bibliográfica realizada na base Scopus revelou os resultados que foram divididos em dois períodos: antes da pandemia – de 1951 a março de 2020, e após a declaração da pandemia com a inclusão dos anos de 2020 e 2021 – de 1951 a 2021.

Antes da pandemia da COVID-19

Em uma pesquisa anterior⁽¹⁸⁾, um levantamento preliminar dos termos associado ao coronavírus em pesquisa na base Scopus utilizou a expressão de busca: *coronavirus* OR "*corona virus*" OR "*2019-nCoV*" OR "*SARS-CoV*" OR "*MERS-CoV*" OR "*severe acute respiratory syndrome*" OR "*middle east respiratory syndrome*" OR "*covid-19*". Foram recuperados 20.438 documentos, sendo 19.482 artigos publicados em periódicos e 956 em eventos científicos, cobrindo o período de 1951 a 2020.

A Figura 2 apresenta a evolução das publicações por ano. Observa-se que o pico de publicações ocorreu em 2004, com 1.533 documentos. No período de 2006 a 2011 houve um decréscimo significativo, voltando a crescer até alcançar 934 documentos em 2015. Em 2019 foram publicados 855 documentos. Em 2020, devido ao crescimento de pessoas infectadas, inicialmente na China, e, posteriormente, em diversos países, foram publicados 276 documentos apenas em dois meses. Isso indica que 2020 apresenta a expectativa de um crescimento significativo no número de publicações.

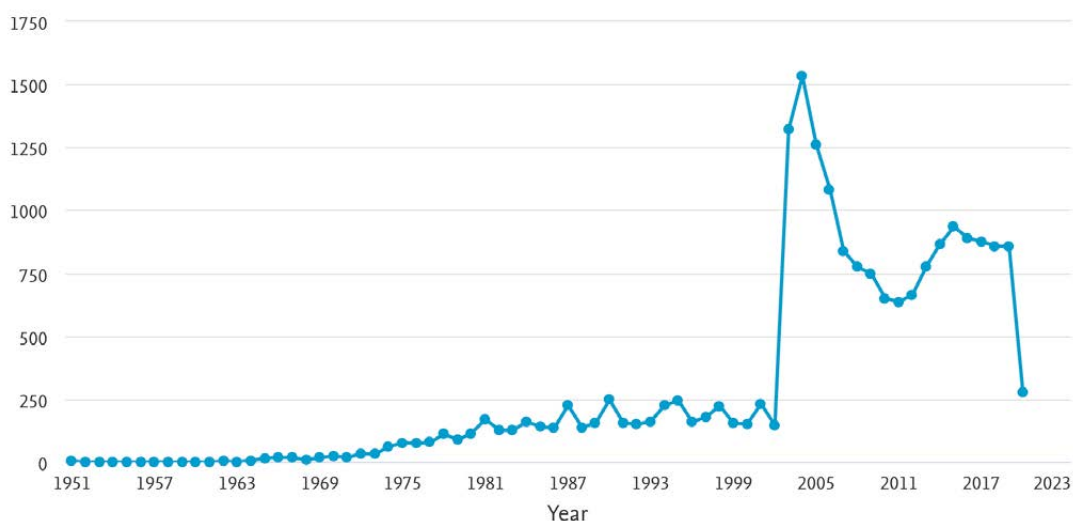


Figura 2 - Evolução das publicações por ano⁽¹⁸⁾.

Outro ponto interessante a destacar é o percentual de documentos por área do conhecimento, que é mostrado na Figura 3. Observa-se que os maiores percentuais são de Medicina (30,7%), Imunologia e Microbiologia (22,0%), Bioquímica, Genética e Biologia Molecular (14,0%), Veterinária (8,5%) e Agricultura e Ciências Biológicas (8,3%). Esse resultado mostra que as publicações são da área de saúde e afins.

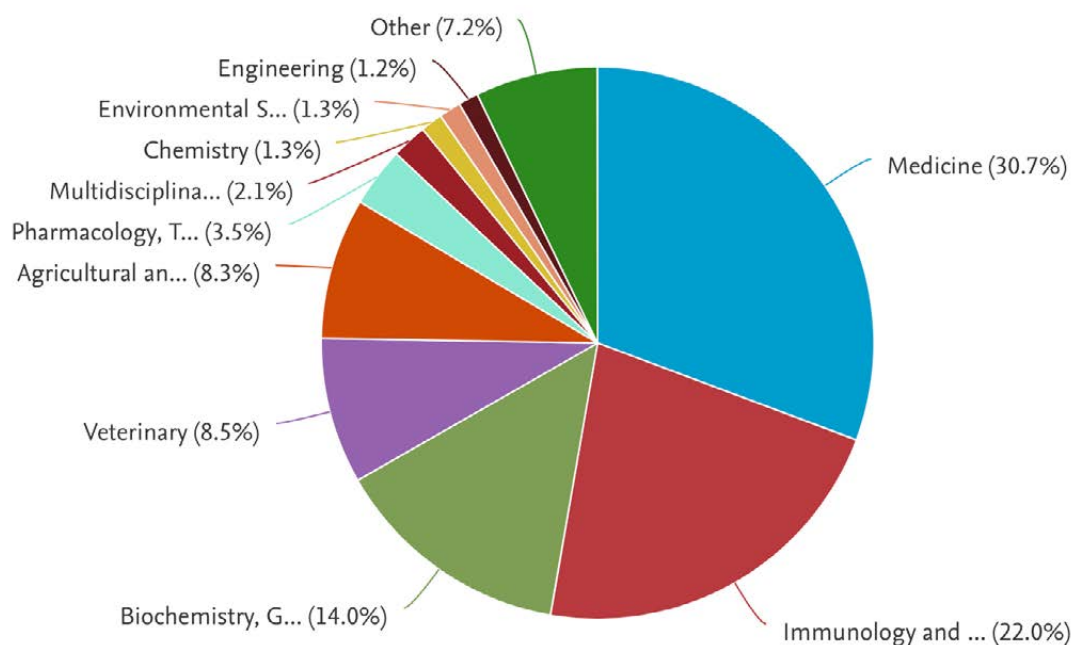


Figura 3 - Distribuição de documentos por área do conhecimento⁽¹⁸⁾.

A análise bibliométrica realizada com o *CiteSpace* seguiu os procedimentos apresentados no respectivo manual⁽¹⁴⁾. O *CiteSpace* suporta análise de cocitação de autor, análise de cocitação de documento e análise de coocorrência de palavras-chave, modelando e visualizando redes e mapas. Nos mapas de conhecimento de visualização, existem “nós” e “ligações” que representam elementos ou unidades de análise (ou seja, autores, documentos, instituições e países) e relações ou tipos de análise (ou seja, coocorrência de palavras-chave, cocitação de documentos, coautoria, etc).

Para revelar os padrões e tendências de pesquisa sobre Coronavírus, foram realizadas no atual estudo as análises de cocitação de referências bibliográficas, com os “nós” sendo as referências e as “arestas” as ligações de cocitação.

A análise dos dados recolhidos (20.438 registros), baseou-se na rede de cocitação, que permitiu obter uma estrutura conceptual de pesquisa⁽¹¹⁾. A rede gerada, que é apresentada na Figura 4, possui 3.225 nós e 7.164 arestas. Em seguida, foi executada a obtenção das comunidades (clusters) utilizando o algoritmo Log-likelihood Ratio⁽¹¹⁾ para alocar cada citação em uma comunidade⁽¹³⁾, obtendo a Modularidade Q de 0,8756 e 395 comunidades. A barra superior da Figura 4 possui uma variação de cores, da esquerda para a direita, de magenta até amarelo. Essas cores identificam os anos das publicações: de 1971 (magenta) a 2019 (amarelo).

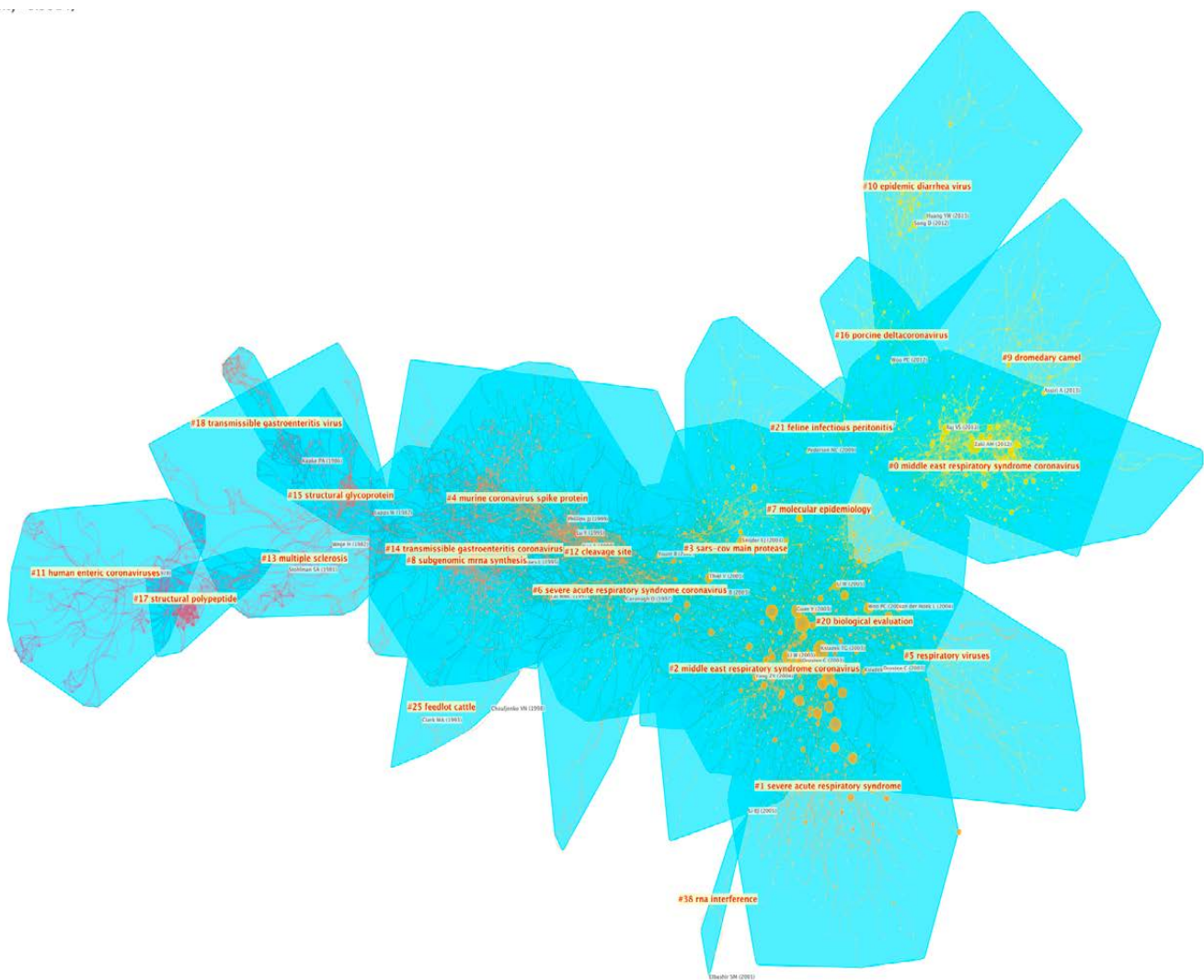


Figura 4 - Rede de cocitação de documentos gerada pelo *CiteSpace* a partir da pesquisa bibliográfica realizada na base Scopus⁽¹⁸⁾.

A Tabela I apresenta uma síntese das 15 maiores comunidades, incluindo o rótulo da comunidade, o número de documentos, a silhueta e o ano médio. O valor da silhueta de uma comunidade mede a qualidade de sua configuração. Seu valor varia entre -1 e 1. O valor mais alto representa a solução ideal⁽¹¹⁾. Observa-se que todas as comunidades apresentam valores de silhueta superiores a 0,8.

Tabela I - Síntese das 15 maiores comunidades utilizando o CiteSpace.

Comunidade	Número de documentos	Silhueta	Ano médio
0. <i>middle east respiratory syndrome coronavirus</i>	276	0,884	2014
1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>	228	0,838	2004
2. <i>murine coronavirus spike protein</i>	210	0,804	1998
3. <i>sars-cov main protease</i>	173	0,788	2006
4. <i>human coronaviruses</i>	156	0,841	2006
5. <i>severe acute respiratory syndrome</i>	134	0,943	2003
6. <i>new transcriptional unit</i>	133	0,912	1992
7. <i>epidemic diarrhea virus</i>	122	0,963	2014
8. <i>human enteric coronaviruses</i>	106	0,948	1981
9. <i>dromedary camel</i>	103	0,964	2013
10. <i>other species</i>	89	0,983	1975
11. <i>cleavage site</i>	75	0,945	1996
12. <i>neurotropic coronavirus</i>	71	0,969	1994
13. <i>respiratory viral panel</i>	64	0,948	2007
14. <i>transmissible gastroenteritis virus</i>	56	0,984	1985

Fonte: Moresi e Pinho⁽¹⁸⁾

A Tabela II apresenta os 15 artigos com as maiores contagens de citações. Observa-se que 14 artigos são do ano 2003. Esse fato está relacionado ao coronavírus (SARS-CoV) que foi descoberto em associação com casos de síndrome respiratória aguda grave (SARS), em março de 2003⁽¹⁹⁾. Nove estudos trataram da relação entre o coronavírus e a SARS^(19,20,21,22,23,24,25,26,27). Um estudo focou no coronavírus HCov-EMC⁽²⁸⁾ e outro abordou sobre a progressão temporal das alterações clínicas, radiológicas e virológicas em um surto comunitário de SARS⁽²⁹⁾. Os demais estudos tratam da síndrome respiratória aguda SARS^(30,31,32,33).

Tabela II - Os 15 documentos com as maiores contagens de citações.

Referência citada	Ano	Contagem de Citações	Comunidade
Drosten et al ⁽²⁰⁾	2003	997	2. <i>murine coronavirus spike protein</i>
Ksiazek et al ⁽²²⁾	2003	966	2. <i>murine coronavirus spike protein</i>
Rota et al ⁽¹⁹⁾	2003	811	2. <i>murine coronavirus spike protein</i>
Zaki et al ⁽²⁶⁾	2012	720	4. <i>human coronaviruses</i>
Lee et al ⁽²³⁾	2003	636	1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>
Peiris et al ⁽²⁶⁾	2003	573	2. <i>murine coronavirus spike protein</i>
Marra et al ⁽²⁵⁾	2003	522	2. <i>murine coronavirus spike protein</i>
Guan et al ⁽²¹⁾	2003	435	3. <i>sars-cov main protease</i>
Li et al ⁽²⁴⁾	2003	432	3. <i>sars-cov main protease</i>
Poutanen et al ⁽²⁷⁾	2003	411	1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>
Tsang et al ⁽³⁰⁾	2003	380	1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>
Peiris et al ⁽²⁹⁾	2003	373	1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>
Snijder et al ⁽³²⁾	2003	337	3. <i>sars-cov main protease</i>
Booth et al ⁽³¹⁾	2003	322	1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>
Kuiken et al ⁽³³⁾	2003	316	1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>

Fonte: Moresi e Pinho⁽¹⁸⁾

A Tabela III apresenta as áreas onde houve aumento na incidência de publicações, utilizando a funcionalidade *Bursts* do *CiteSpace*⁽¹⁴⁾. Observa-se que 14 estudos trataram da relação entre o coronavírus e a SARS^(19,20,22,23,24,25,26,27,28,30,34,35,36,37) e um a relação entre o coronavírus e a MERS⁽³⁸⁾.

Observa-se que dez referências estão entre as mais cocitadas e com os maiores índices de *Bursts*, havendo a maior concentração em publicações do ano de 2003. Este resultado é coerente, devido ao surto de SARS que ocorreu no final do ano de 2002. A frente de pesquisa mais recente se refere ao coronavírus humano, que possui o médio de publicações em 2006. Contudo, o artigo mais relevante é de 2012.

Tabela III - Os 15 documentos com os maiores índices *Bursts*.

Referência citada	Ano	Índice <i>Bursts</i>	Comunidade
Zaki et al ⁽²⁷⁾	2012	272,31	4. <i>human coronaviruses</i>
Drosten et al ⁽¹⁹⁾	2003	163,43	2. <i>murine coronavirus spike protein</i>
Ksiazek et al ⁽²¹⁾	2003	161,96	2. <i>murine coronavirus spike protein</i>
Lee et al ⁽²²⁾	2003	158,93	1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>
Rota et al ⁽¹⁸⁾	2003	146,90	2. <i>murine coronavirus spike protein</i>
Poutanen et al ⁽²⁶⁾	2003	107,73	1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>
Tsang et al ⁽²⁹⁾	2003	102,76	1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>
Raj et al ⁽³³⁾	2013	99,9	3. <i>sars-cov main protease</i>
Marra et al ⁽²⁴⁾	2003	98,3	2. <i>murine coronavirus spike protein</i>
Assiri et al ⁽³⁴⁾	2013	96,74	3. <i>sars-cov main protease</i>
Assiri et al ⁽³⁷⁾	2013	89,52	0. <i>middle east respiratory syndrome coronavirus</i>
Li et al ⁽³⁵⁾	2005	85,14	4. <i>human coronaviruses</i>
Peiris et al ⁽²⁵⁾	2003	80,16	1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>
Li et al ⁽²³⁾	2003	78,38	1. <i>severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>
Lau et al ⁽³⁶⁾	2005	77,83	4. <i>human coronaviruses</i>

Fonte: Moresi e Pinho⁽¹⁸⁾

Após a declaração da pandemia da COVID-19

Com o reconhecimento, pela Organização Mundial da Saúde, da pandemia mundial, houve uma explosão de publicações. Utilizando a mesma expressão de busca na base Scopus, foram recuperados 126.479 documentos, abrangendo o período de 1951 a 2021. São 120.868 artigos publicados em periódicos e 5.611 em conferências.

Em 2020 foram publicados 68.282 documentos. Em 2021 já foram publicados 37.465 documentos até o momento da realização da busca do presente estudo. Observa-se que os anos de 2020 e 2021 possuem mais documentos publicados do que todo o período de 1951 a 2019, o que impacta diretamente toda a análise apresentada no item anterior.

A pandemia evidencia uma singularidade que motivou esta explosão de publicações. Um dos efeitos desta singularidade é que dos 100 artigos mais citados, a maioria é de 2020. Conforme mostrado no item anterior, os documentos mais citados eram de 2003 e 2012. A Tabela IV apresenta a distribuição de citações por ano de publicação.

Tabela IV - Distribuição de citação de documentos por ano.

Ano	Quantidade de documentos
2021	1
2020	67
2019	1
2016	1
2013	1
2012	1
2011	1
2009	1
2008	1
2007	3
2006	1
2005	5
2004	3
2003	10
2001	1
1997	1
1991	1
Total	100

Fonte: elaborada pelos autores

Devido ao volume de documentos recuperados, não foi possível gerar a rede de cocitação utilizando o *CiteSpace*. Como alternativa, foram utilizados os softwares livres *VOSviewer*^(15,16) para gerar as redes de coocorrência de palavras-chave e de cocitação e o *Gephi*⁽¹⁷⁾ para obter as métricas de redes.

Rede de coocorrência de palavras-chave dos autores

Os metadados foram lidos e selecionada a opção de coocorrência de palavras-chave do autor. Sem o controle do vocabulário, com um mínimo de 10 ocorrências para cada par de palavras-chave, resultou em uma rede de coocorrência com 3.797 nós (cada nó é uma palavra-chave), 8 comunidades e 140.318 arestas (cada aresta corresponde à coocorrência de duas palavras-chave). Contudo, o *VOSviewer* oferece uma opção de criar um arquivo texto para realizar o controle do vocabulário – o tesauro, ou seja, a substituição e a exclusão de termos. Trata-se de uma interpretação qualitativa das palavras-chave incluídas pelos autores nos metadados de cada documento. Com essa opção do controle do vocabulário, a rede resultante incluiu 3.393 nós, 8 clusters e 105.396 arestas.

A Figura 5 apresenta a visualização do mapa de calor da rede de coocorrência de palavras-chave, onde se destacam: *covid-19*, *sars cov 2*, *coronavirus*, *pandemics*, *epidemiology*, *mental health*, entre outras. A palavra-chave Covid-19, que foi incluída na expressão de busca da pesquisa bibliográfica, possui grau 3308, ou seja, coocorre com quase todas as demais palavras-chave.

A Tabela V apresenta as 20 palavras-chave com as maiores centralidades de autovetor da rede de cocorrência de palavras-chave dos autores. Observa-se que 6 palavras-chave têm o ano médio de cocorrência em 2020. Apenas uma palavra-chave apresenta ano médio de 2011.

Isso revela como as publicações dos anos de 2020 e 2021 impactaram a pesquisa sobre o tema. Mesmo palavras-chave como *epidemiology*, *infectious diseases*, *public health*, *viruses* e *epidemics*, que são mais comuns na área de saúde, tiveram o ano médio deslocado mais para próximo de 2020.

Tabela V - Palavras-chave com maiores centralidades de autovetor da rede de cocorrência.

Palavra-chave	Ano Médio	Grau	Centralidade de Autovetor
<i>covid-19</i>	2020,3106	3308	1,0000
<i>coronavirus</i>	2018,7298	3017	0,9495
<i>sars cov2</i>	2020,3091	2835	0,9117
<i>pandemics</i>	2020,1415	2197	0,7607
<i>sars</i>	2011,5550	1386	0,5550
<i>epidemiology</i>	2018,8295	950	0,4344
<i>infectious diseases</i>	2018,7865	879	0,4129
<i>public health</i>	2019,8296	921	0,4113
<i>viruses</i>	2016,6726	760	0,3635
<i>mortality</i>	2020,1724	765	0,3633
<i>pneumonia</i>	2019,0078	765	0,3626
<i>infections</i>	2019,0696	735	0,3588
<i>children</i>	2019,0863	685	0,3473
<i>mental health</i>	2020,3138	742	0,3410
<i>influenza virus</i>	2016,2402	637	0,3276
<i>epidemics</i>	2018,8323	629	0,3252
<i>lockdowns</i>	2020,3816	700	0,3209
<i>coronavirus infections</i>	2019,6947	607	0,3162
<i>sars cov</i>	2013,4550	713	0,3152
<i>vaccines</i>	2018,3434	632	0,3052

Fonte: elaborada pelos autores

Rede de cocitação de referências citadas

Dois documentos são cocitados se houver um terceiro que os cite. Quanto maior o número de documentos em que duas publicações são citadas concomitantemente, mais forte será a relação de cocitação entre elas⁽⁴⁰⁾. Um modelo bibliométrico de cocitação define áreas coerentes de problemas de pesquisa classificando e agrupando os trabalhos científicos atuais por meio de referências comuns a grupos de trabalhos muito citados ou cocitados.

A unidade básica desse modelo é a comunidade de cocitação que é composta por dois componentes⁽⁴¹⁾: um conjunto de trabalhos citados e cocitados chamados de literatura de base; e um conjunto de artigos que os referenciam, denominada de literatura atual publicada do tema.

Esse tipo de rede agrupa os trabalhos citados simultaneamente em um documento. Além disso, considera que a literatura de base representa os núcleos de teorias e métodos e os artigos citados descrevem as frentes de pesquisa em domínios temáticos no período investigado.

A rede de cocitação de referências citadas foi gerada utilizando o software *VOSviewer*^(15,16). Os metadados foram lidos e foi selecionada a opção de cocitação de referências citadas. O *VOSviewer* tem a opção, para este tipo de rede, de ser usado um “arquivo de tesouros” para normalizar as referências bibliográficas e tornar o resultado mais preciso. Sem o uso do tesouro de referências bibliográficas, com um mínimo de 40 cocitações para cada documento, obteve-se uma rede de cocitação com 883 nós e 49.029 arestas. Com a inclusão do tesouro de referências, a rede resultante passou a possuir 357 nós e 21.697 arestas.

O grafo foi exportado para o *Gephi*⁽¹⁷⁾, onde foram calculadas as métricas de redes. A Tabela VI apresenta os 15 documentos com as maiores centralidades de autovetor. Esta centralidade mede a influência de um nó em uma rede. Um nó será influente se estiver conectado a outros nós importantes (pontuações mais altas). A essência da centralidade de autovetor é calcular a influência de um nó em função dos escores de seus vizinhos⁽⁴²⁾.

O resultado revela que 10 documentos são de 2020, um de 2019, um de 2012 e 3 de 2003. Isso revela, mais uma vez, que a COVID-19 impactou a pesquisa sobre coronavírus e a busca pelo conhecimento mais aprofundado sobre o vírus, a contaminação e as alternativas terapêuticas.

Tabela VI - Documentos com as maiores centralidades de autovetor da rede de cocitação de referências citadas.

Documento	Ano	Tema de pesquisa	Grau	Centralidade de Autovetor
Huang et al ⁽⁴³⁾	2020	Pneumonia – Covid-19	313	1,0000
Li et al ⁽²⁴⁾	2003	SARS coronavirus	309	0,9963
Zhu et al ⁽⁴⁴⁾	2020	Pneumonia – Covid-19	292	0,9620
Lu et al ⁽⁴⁵⁾	2020	Características genômicas do Covid-19	287	0,9526
Chen et al ⁽⁴⁶⁾	2020	Pneumonia – Covid-19	288	0,9508
Zhou et al ⁽⁴⁷⁾	2020	Caracterização do Covid-19	275	0,9297
Zaki et al ⁽²⁸⁾	2012	Coronavirus e pneumonia	276	0,9281
Zhou et al ⁽⁴⁸⁾	2020	risco associados à morte intra-hospitalar	265	0,8996
Wu et al ⁽⁴⁹⁾	2020	síndrome respiratória grave	261	0,8954
Wrapp et al ⁽⁵⁰⁾	2020	estrutura microscópica do Covid-19	255	0,8883
Wang et al ⁽⁵¹⁾	2020	Pneumonia – Covid-19	255	0,8784
Drosten et al ⁽²⁰⁾	2003	SARS-CoV	268	0,8779
Hoffmann et al ⁽⁵²⁾	2020	transmissão viral – SARS-CoV2	246	0,8665
Ksiazek et al ⁽²²⁾	2003	SARS-CoV	261	0,8553
Cui, Li e Shi ⁽⁵³⁾	2019	SARS-CoV e MERS-CoV		

Fonte: elaborada pelos autores

Assim, autores relataram as características epidemiológicas, clínicas, laboratoriais e radiológicas e o tratamento e resultados clínicos de pacientes com pneumonia causada pelo COVID-19⁽⁴³⁾. Outros identificaram uma metalopeptidase, enzima conversora de angiotensina 2 (ACE2), que causa a síndrome respiratória aguda grave (SARS)⁽²⁴⁾. Pesquisadores usaram as células epiteliais humanas das vias aéreas, de pacientes com pneumonia causada pelo novo coronavírus, para isolar o novo vírus⁽⁴⁴⁾ e constataram que o vírus era diferente do MERS-CoV e do SARS-CoV, e que o 2019-nCoV é o sétimo membro da família dos coronavírus que infectam humanos⁽⁴⁴⁾.

Pesquisadores⁽⁴⁵⁾ descreveram as características genômicas do novo coronavírus, além das semelhanças e diferenças com outros coronavírus, incluindo o vírus que causou a epidemia de síndrome respiratória aguda grave de 2002-03. Outros⁽⁴⁶⁾ buscaram esclarecer melhor as características epidemiológicas e clínicas da pneumonia causada pelo 2019-nCoV. Outros autores⁽⁴⁷⁾ relataram a identificação e caracterização de um novo coronavírus (2019-nCoV), que causou uma epidemia de síndrome respiratória aguda em humanos em Wuhan, China. Na Arábia Saudita, analisaram⁽²⁸⁾ os dados clínicos de um paciente de 60 anos, que apresentou pneumonia aguda e subsequente insuficiência renal com desfecho fatal. Eles isolaram e fizeram a identificação molecular do vírus denominado HCoV-EMC e que os diversos tipos de coronavírus hospedados em animais podem causar doenças graves em humanos.

Pesquisadores⁽⁴⁸⁾ buscaram melhorar a descrição dos fatores de risco para mortalidade e um curso clínico detalhado da doença, incluindo disseminação viral, de pacientes com COVID-19. Eles extraíram dados demográficos, clínicos, de tratamento e laboratoriais, incluindo amostras seriadas para detecção de RNA viral, de sobreviventes e não sobreviventes, para explorar os fatores de risco associados à morte intra-hospitalar.

Foi estudado um único paciente que trabalhava no mercado de Wuhan – China, que foi admitido no Hospital Central de Wuhan em 26 de dezembro de 2019 enquanto apresentava uma síndrome respiratória grave que incluía febre, tontura e tosse⁽⁴⁹⁾. Eles realizaram o sequenciamento de RNA metagenômico de uma amostra de fluido de lavagem broncoalveolar do paciente e identificaram uma nova cepa de vírus de RNA da família Coronaviridae, que foi denominada de 2019-nCoV⁽⁴⁹⁾. A estrutura de microscopia crioeletrônica do 2019-nCoV foi determinada, cujo

conhecimento é essencial para o desenvolvimento e a avaliação de contramedidas médicas para enfrentar a crise de saúde pública em curso⁽⁵⁰⁾.

Também buscaram descrever as características epidemiológicas e clínicas de pacientes com pneumonia causada pelo 2019-nCoV⁽⁵¹⁾, e para isso, analisaram as características clínicas de 138 pacientes hospitalizados e compararam os casos graves que receberam cuidados em unidade de terapia intensiva (UTI) com os não graves, que não receberam cuidados em UTI.

Pesquisadores integraram uma rede de laboratórios internacionais, estabelecida pela OMS, para facilitar a identificação do agente causador da SARS⁽²⁰⁾. Como parte dessa rede, eles identificaram e caracterizaram um novo coronavírus em pacientes com SARS. Outros pesquisadores⁽⁵²⁾ demonstraram que o SARS-CoV-2 usa o receptor ACE2 do SARS-CoV para a entrada do coronavírus nas células, fornecendo informações sobre a transmissão viral e revelando alvos terapêuticos.

Realizaram-se estudos⁽²²⁾ para identificar o agente etiológico do surto mundial da síndrome respiratória aguda grave (SARS), que foi associado a exposições originadas de um único trabalhador de saúde doente da província de Guangdong, China. Uma revisão⁽⁵³⁾ sobre o conhecimento atual da origem e da evolução dos dois coronavírus patogênicos da síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV) e da síndrome respiratória do Oriente Médio (MERS-CoV), discutiu seu uso de receptor e destacaram a diversidade e o potencial de disseminação de coronavírus transmitidos por morcegos.

Assim, destaca-se que este é um tema que interessa a diversos campos do conhecimento, mas que se vai construindo como área de investigação/pesquisa com teoria e prática estruturada. Autores e publicações relevantes são citados criando redes de conhecimento que consolidam este tema.

As frentes de pesquisa, no período anterior à pandemia, concentraram-se em estudos relacionados à síndrome respiratória aguda grave e aos tipos de coronavírus. No período da pandemia, as frentes de pesquisa se concentraram na Covid-19.

Como prosseguimento da investigação, sugere-se que novas análises bibliométricas sejam realizadas, tais como cooperação entre pesquisadores, organizações e países. Também são interessantes estudos para verificar o impacto em outros campos de pesquisa como educação, gestão e negócios, governo etc.

CONCLUSÃO

O estudo aponta que o mapeamento de um tema por meio das variadas vertentes de visualização dos dados obtidos é uma fase importante para que se possa decidir sobre o foco a ser dado em uma futura revisão integrativa sobre o coronavírus.

A metodologia é consistente, pois possibilita uma análise abrangente dos documentos publicados em um período. Contudo, a definição da expressão de busca é um ponto crítico, pois implica diretamente nos documentos que serão recuperados em uma pesquisa bibliográfica.

A evolução dos quantitativos de documentos por ano permite analisar a evolução do tema ao longo do período em análise. Particularmente, como observado nos períodos antes e após da declaração da pandemia. O crescimento acelerado de publicações em 2020 e 2021, revelou a mobilização da comunidade científica mundial em busca de soluções para a COVID-19.

CONFLITOS DE INTERESSE

Os autores declaram não haver conflitos de interesse

CONTRIBUIÇÕES

Eduardo Amadeu Dutra Moresi e Isabel Pinho contribuíram com a elaboração e o delineamento do estudo; a aquisição, a análise e a interpretação de dados; e a redação e/ou a revisão do manuscrito. Ambos aprovaram a versão final enviada para publicação na Revista Brasileira em Promoção da Saúde (RBPS) e são responsáveis por todos os aspectos do trabalho.

AGRADECIMENTOS

Ao CIAIQ pela oportunidade de apresentar os resultados da pesquisa e a indicação para a publicação na RBPS.

REFERÊNCIAS

1. Gorbalenya AE, Baker SC, Baric RS, De Groot RJ, Drosten C, Gulyaeva AA, Haagmans BL, Lauber C, Leontovich AM, Neuman BW, Penzar D, Perlman S, Poon LLM, Samborskiy DV, Sidorov IA, Sola I, Ziebuhr J. The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. *Nature Microbiology* [Internet]. 2020;5:4:536-544. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41564-020-0695-z>
2. Liu C, Zhou Q, Li Y, Garner IV, Watkins SP, Carter IJ, Smoot J, Gregg AC, Daniels AD, Jervey S, Albau D. (2020). Research and Development on Therapeutic Agents and Vaccines for COVID-19 and Related Human Coronavirus Diseases. *ACS Central Science* [Internet]. 2020;6:3:315-331. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://pubs.acs.org/doi/10.1021/acscentsci.0c00272>
3. Wachholz PA, Lima SAM, Boas PJFV. Da prática baseada em evidências para a saúde coletiva informada por evidências: revisão narrativa. *Revista Brasileira em Promoção da Saúde* [Internet]. 2018;31:2:1-7. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://periodicos.unifor.br/RBPS/article/view/6753>
4. Malta M, Rimoin AW, Strathdee SA. The coronavirus 2019-nCoV epidemic: Is hindsight 20/20? *EClinicalMedicine* [Internet]. 2020; 20:100289. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/eclinm/article/PIIS2589-5370\(20\)30033-X/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/eclinm/article/PIIS2589-5370(20)30033-X/fulltext)
5. Yan CH, Faraji F, Prajapati DP, Boone CE, Deconde AS. Association of chemosensory dysfunction and COVID-19 in patients presenting with influenza-like symptoms. *Int Forum Allergy Rhinol* [Internet]. 2020;10:7: 806-813. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32279441/>
6. Calero-Medina C, Van Leeuwen T. Seed journal citation network maps: A method based on network theory. *Journal of the American Society for Information Science and Technology*. 2012; 63:6:1226-1234.
7. Small, H. Visualizing science by citation mapping. *Journal of the American Society for Information Science and Technology*. 1999;50:9:799-813.
8. Boyack K, Klavans R. Co-citation analysis, bibliographic coupling, and direct citation: Which citation approach represents the research front most accurately? *Journal of the American Society for Information Science and Technology*. 2010;61:12:2389-2404.
9. Zupic I, Cater T. Bibliometric methods in management organization. *Organizational Research Methods*. 2014;18:3:429-472.
10. Soriano AS, Álvarez CL, Valdés RMT. Bibliometric analysis to identify an emerging research area: Public Relations Intelligence - a challenge to strengthen technological observatories in the network society. *Scientometrics*. 2018;115:1591–1614.
11. Chen C, Ibekwe-Sanjuan FE, Hou J. The structure and dynamics of cocitation clusters: a multiple-perspective cocitation analysis. *Journal of the American Society for Information Science and Technology*. 2010;61:7:1386-1409.
12. Cui Y, Mou J, Liu Y. Knowledge mapping of social commerce research: a visual analysis using CiteSpace. *Electroning Commerce Research*. 2018;18:837–868.
13. Wang B, Zhang Q, Cui F. Scientific research on ecosystem services and human well-being: a bibliometric analysis. *Ecological Indicators*. 2021;125:107449.
14. Chen C. How to use CiteSpace. Victoria, British Columbia, CA: Leanpub; 2019.
15. Van Eck NJ, Waltman L. Visualizing bibliometric networks. In: Ding Y, Rousseau R, Wolfram D. (Eds.). *Measuring scholarly impact: methods and practice*. New York: Springer; 2014.
16. Van Eck NJ, Waltman L. VOSviewer manual [Internet]. Leiden: Universiteit Leiden; 2021. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.vosviewer.com/download>.
17. Bastian M, Heymann S, Jacomy M. Gephi: An Open Source Software for Exploring and Manipulating Networks. *Proceedings of the Third International ICWSM Conference* [Internet]. 2009;361-362. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://gephi.org/publications/gephi-bastian-feb09.pdf>

18. Moresi EAD, Pinho I. Coronavírus: explorando o tema através da bibliometria. In: Fornari F, Oliveira ESF, Oliveira C, Costa AP. (Ed). *New Trends in Qualitative Research* [Internet]. 2020;3:515–527. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://publi.ludomedia.org/index.php/ntqr/article/view/182/181>
19. Rota PA, Oberste MS, Monroe SS, Nix WA, Campagnoli R, Icenogle JP, Peñaranda S, Bankamp B, Maher K, Chen M-H, Tong S, Tamin A, Lowe L, Frace M, Derisi JL, Chen Q, Wang D, Erdman DD, Peret TCT, Burns C, Ksiazek TG, Rollin PE, Sanchez A, Liffick S, Holloway B, Limor J, McCaustland K, Olsen-Rasmussen M, Fouchier R, Günther S, Osterhaus ADME, Drosten C, Pallansch MA, Anderson LJ, Bellini WJ. Characterization of a Novel Coronavirus Associated with Severe Acute Respiratory Syndrome. *Science*. 2003;300:1394-1399. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://science.sciencemag.org/content/300/5624/1394>
20. Drosten C, Günther S, Preiser W, Van Der Werf S, Brodt HR, Becker S, Rabenau H, Panning M, Kolesnikova L, Fouchier RAM, Berger A, Burguière A-M, Cinatl J, Eickmann M, Escriou N, Grywna K, Kramme S, Manuguerra J-C, Müller S, Rickerts V, Stürmer M, Vieth S, Klenk H-D, Osterhaus, ADME, Schmitz H, Doerr HW. Identification of a Novel Coronavirus in Patients with Severe Acute Respiratory Syndrome. *The New England Journal of Medicine* [Internet]. 2003;348:20:1967-1976. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa030747>
21. Guan Y, Zheng BJ, He YQ, Liu XL, Zhuang ZX, Cheung CL, Luo CW, Li PH, Zhang IJ, Guan YJ, Butt KM, Wong KL, Chan KW, Lim W, Shortridge KF, Yuen KY, Peiris JSM, Poon LLM. Isolation and Characterization of Viruses Related to the SARS Coronavirus from Animals in Southern China. *Science* [Internet]. 2003;302:276-278. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://science.sciencemag.org/content/302/5643/276>
22. Ksiazek TG, Erdman D, Goldsmith CS, Zaki SR, Peret T, Emery S, Tong S, Urbani C, Comer JA, Lim W, Rollin PE, Dowell SF, Ling A-E, Humphrey CD, Shieh W-J, Guarner J, Paddock CD, Rota P, Fields B, Derisi J, Yang J-Y, Cox N, Hughes JM, Leduc JW, Bellini WJ, Anderson LJ. A Novel Coronavirus Associated with Severe Acute Respiratory Syndrome. *The New England Journal of Medicine* [Internet]. 2003;348:20:1953-1966. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://click.endnote.com/viewer?doi=10.1056/nejmoa030781&route=6>
23. Lee N, Hui D, Wu A, Chan P, Cameron P, Joynt GM, Ahuja A, Yung MY, Leung CB, To KF, Lui SF, Szeto CC, Chung S, Sung JY. A Major Outbreak of Severe Acute Respiratory Syndrome in Hong Kong. *New England Journal of Medicine* [Internet]. 2003;348:20:1986-1994. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa030685>
24. Li W, Moore MJ, Vasilieva N, Sui J, Wong SK, Berne MA, Somasundaran M, Sullivan JL, Luzuriaga K, Greenough TC, Choe H, FARZAN M. Angiotensin-converting enzyme 2 is a functional receptor for the SARS coronavirus. *Nature* [Internet]. 2003;426:450-454. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nature.com/articles/nature02145>
25. Marra MA, Jones SJM, Astell CR, Holt RA, Brooks-Wilson A, Butterfield YSN, Khattra J, Asano JK, Barber SA, Chan SY, Cloutier A, Coughlin SM, Freeman D, Girn N, Griffith OL, Leach SR, Mayo M, McDonald H, Montgomery SB, Pandoh PK, Petrescu AS, Robertson AG, Schein JE, Siddiqui A, Smailus DE, Stott JM, Yang GS, Plummer F, Andonov A, Artsob H, Bastien N, Bernard K, Booth TF, Bowness D, Czub M, Drebot M, Fernando L, Flick R, Garbutt M, Gray M, Grolla A, Jones S, Feldmann H, Meyers A, Kabani A, Li Y, Normand S, Stroher U, Tipples GA, Tyler S, Vogrig R, Ward D, Watson B, Brunham RC, Kraiden M, Petric M, Skowronski DM, Upton C, Roper RL. The Genome Sequence of the SARS-Associated Coronavirus. *Science* [Internet]. 2003;300:1399-1404. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://science.sciencemag.org/content/300/5624/1399>
26. Peiris JSM, Lai ST, Poon LLM, Guan Y, Yam LYC, Lim W, Nicholls J, Yee WKS, Yan WW, Cheung MT, Cheng VCC, Chan KH, Tsang DNC, Yung RWH, Ng TK, Yuen KY. Coronavirus as a possible cause of severe acute respiratory syndrome. *The Lancet* [Internet]. 2003;361:1319-1325. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140673603130772/fulltext>
27. Poutanen SM, Low DE, Henry B, Finkelstein S, Rose D, Green K, Tellier R, Draker R, Adachi D, Ayers M, Chan AK, Skowronski DM, Salit I, Simor AE, Slutsky AS, Doyle PW, Kraiden M, Petric M, Brunham RC, McGeer AJ. Identification of Severe Acute Respiratory Syndrome in Canada. *The New England Journal of*

- Medicine [Internet]. 2003;348:1995-2005. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa030634>
28. Zaki AM, Van Boheemen S, Bestebroer TM, Osterhaus ADME, Fouchier RAM. Isolation of a Novel Coronavirus from a Man with Pneumonia in Saudi Arabia. *The New England Journal of Medicine* [Internet]. 2012;367:1814-1820. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa1211721>
 29. Peiris JS, Yuen KY, Osterhaus AD, Stöhr K. The severe acute respiratory syndrome. *The New England Journal of Medicine* [Internet]. 2003;349:2431-2441. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMra032498>
 30. Tsang KW, Ho PL, Ooi GC, Yee WK, Wang T, Chan-Yeung M, Lam WK, Seto WH, Yam LY, Cheung TM, Wong PC, Lam B, Ip MS, Chan J, Yuen KY, Lai, KN. A Cluster of Cases of Severe Acute Respiratory Syndrome in Hong Kong. *The New England Journal of Medicine*, v. 348, pp. 1977-1985, 2003. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa030666>
 31. Booth CM, Matukas LM, Tomlinson GA, Rachlis AR, Rose DB, Dwosh HA, Walmsley SL, Mazzulli T, Avendano M, Derkach P, Eptimios IE, Kitai I, Mederski BD, Shadowitz SB, Gold WL, Hawryluck LA, Rea E, Chenkin JS, Cescon DW, Poutanen SM, Detsky AS. Clinical features and short-term outcomes of 144 patients with SARS in the greater Toronto area. *Journal of The American Medical Association* [Internet]. 2003;289:2801-2809. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://jamanetwork.com/journals/jama/fullarticle/196681>
 32. Snijder EJ, Bredenbeek PJ, Dobbe JC, Thiel V, Ziebuhr J, Poon LL, Guan Y, Rozanov M, Spaan WJ, Gorbalenya AE. Unique and conserved features of genome and proteome of SARS-coronavirus, an early split-off from the coronavirus group 2 lineage. *Journal of Molecular Biology* [Internet]. 2003;331:991-1004. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: [https://click.endnote.com/viewer?doi=10.1016/s0022-2836\(03\)00865-9&route=2](https://click.endnote.com/viewer?doi=10.1016/s0022-2836(03)00865-9&route=2)
 33. Kuiken T, Fouchier RA, Schutten M, Rimmelzwaan GF, Van Amerongen G, Van Riel D, Laman JD, De Jong T, Van Doornum G, Lim W, Ling AE, Chan PK, Tam JS, Zambon MC, Gopal R, Drosten C, Van Der Werf S, Escriou N, Manuguerra JC, Stohr K, Peiris JS, Osterhaus AD. Newly discovered coronavirus as the primary cause of severe acute respiratory syndrome. *The Lancet* [Internet]. 2003;362:263-270. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140673603139670/fulltext>
 34. Raj VS, Mou H, Smits, SL, Dekkers, DHW, Müller MA, Dijkman R, Muth D, Demmers JAA, Zaki A, Fouchier RAM, Thiel V, Drosten C, Rottier PJM, Osterhaus ADME, Bosch BJ, Haagmans BL. Dipeptidyl peptidase 4 is a functional receptor for the emerging human coronavirus-EMC. *Nature* [Internet]. 2013;495:251-254. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em:
 35. Assir, A, Mcgeer A, Perl TM, Price CS, Al Rabeeah AA, Cummings DA, Alabdullatif ZN, Assad M, Almulhim A, Makhdoom H, Madani H, Alhakeem R, Al-Tawfiq JA, Cotten M, Watson SJ, Kellam P, Zumla AI, Memish ZA. Hospital outbreak of Middle East respiratory syndrome coronavirus. *The New England Journal of Medicine* [Internet]. 2013;369:n.5:407-16. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa1306742>
 36. Li W, Shi Z, Yu M, Ren W, Smith C, Epstein JH, Wang H, Cramer G, Hu Z, Zhang H. Bats are natural reservoirs of SARS-like coronaviruses. *Science* [Internet]. 2005;310:5748:676-679. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://science.sciencemag.org/content/310/5748/676>
 37. Lau SK, Woo PC, Li KS, Huang Y, Tsoi HW, Wong BH, Wong SS, Leung SY, Chan KH, Yuen KY. Severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in Chinese horseshoe bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* [Internet]. 2005;102:14040-14045. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.pnas.org/content/102/39/14040>
 38. Assiri A, Al-Tawfiq JA, Al-Rabeeah AA, Al-Rabiah FA, Al-Hajjar S, Al-Barrak A, Flemban H, Al-Nassir WN, Balkhy HH, Al-Hakeem RF, Makhdoom HQ, Zumla AI, Memish ZA. Epidemiological, demographic, and clinical characteristics of 47 cases of Middle East respiratory syndrome coronavirus disease from Saudi Arabia: a descriptive study. *The Lancet Infectious Diseases* [Internet]. 2013;13:9:752-61. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099\(13\)70204-4/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099(13)70204-4/fulltext)

39. Newman M. Networks: an introduction. Oxford: Oxford University Press; 2009.
40. Griffith BC, Small H, Stonehill JA, Dey S. The structure of scientific literatures II: Toward a macro- and microstructure for science. *Science Studies*. 1974;4:4:339–365.
41. Franklin JJ, Johnston R. Co-citation bibliometric modelling for S&T and R&D management. In: Van Raan AFJ (Ed.). *Handbook of Quantitative Studies of Science and Technology*. Amsterdam: North Holland; 1988.
42. Roffo G, Melzi S. Ranking to learn: feature ranking and selection via eigenvector centrality. *New Frontiers in Mining Complex Patterns. NFMCP 2016. Lectures Notes in Computer Science*. 2017;10312.
43. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, Zhang L, Fan G, Xu J, Gu X, Cheng Z, Yu T, Xia J, Wei Y, Wu W, Xie X, Yin W, Li H, Liu M, Xiao Y, Gao H, Guo L, Xie J, Wang G, Jiang R, Gao Z, Jin Q, Wang J, Cao B. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet* [Internet]. 2020;395:497-506. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(20\)30183-5/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30183-5/fulltext)
44. Zhu N, Zhang D, Wang W, Li X, Yang B, Song J, Zhao X, Huang B, Shi W, Lu R, Niu P, Zhan F, Ma X, Wang D, Xu W, Wu G, Gao GF, Tan W. A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *The New England Journal of Medicine* [Internet]. 2020;382:8:727-733. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa2001017>
45. Lu R, Zhao X, Li J, Niu P, Yang B, Wu H, Wang W, Song H, Huang B, Zhu N, Bi Y, Ma X, Zhan F, Wang L, Hu T, Zhou H, Hu Z, Zhou W, Zhao L, Tan W. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *The Lancet* [Internet]. 2020;395:565-574. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: [https://www.thelancet.com/article/S0140-6736\(20\)30251-8/fulltext](https://www.thelancet.com/article/S0140-6736(20)30251-8/fulltext)
46. Chen N, Zhou M, Dong X, Qu J, Gong F, Han Y, Qiu Y, Wang J, Liu Y, Wei Y, Xia J, Yu T, Zhang X, Zhang L. Epidemiological and clinical characteristics of 99 cases of 2019 novel coronavirus pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study. *The Lancet* [Internet]. 2020;395:507-513. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(20\)30211-7/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30211-7/fulltext)
47. Zhou P, Yang XL, Wang XG, Hu B, Zhang L, Zhang W, Si H-R, Zhu Y, Li B, Huang C-L, Chen H-D, Chen J, Luo Y, Guo H, Jiang R-D, Liu M-Q, Chen Y, Shen X-R, Wang X, Zheng X-S, Zhao K, Chen Q-J, Deng F, Liu L-L, Yan B, Zhan F-X, Wang Y-Y, Xiao G-F, Shi Z-L. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature* [Internet]. 2020;579:270–273. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>
48. Zhou F, Yu T, Du R, Fan G, Liu Y, Liu Z, Xiang J, Wang Y, Song B, Gu X, Guan L, Wei Y, Li H, Wu X, Xu J, Tu S, Zhang Y, Chen H, Cao B. Clinical course and risk factors for mortality of adult inpatients with COVID-19 in Wuhan, China: a retrospective cohort study. *The Lancet* [Internet]. 2020;395:1054-1062. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(20\)30566-3/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30566-3/fulltext)
49. Wu F, Zhao S, Yu B, Che, YM, Wang W, Song ZG, Hu Y, Tao ZW, Tian JH, Pei YY, Yuan ML, Zhang YL, Dai FH, Liu Y, Wang QM, Zheng JJ, Xu L, Holmes EC, Zhang YZ. A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature* [Internet]. 2020;579:265-269. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2008-3>
50. Wrapp D, Wang N, Corbett KS, Goldsmith JA, Hsieh CL, Abiona O, Graham BS, McLellan JS. Cryo-EM structure of the 2019-nCoV spike in the prefusion conformation. *Science* [Internet]. 2020;367:1260-1263. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://science.sciencemag.org/content/367/6483/1260>
51. Wang D, Hu B, Hu C, Zhu F, Liu X, Zhang J, Wang B, Xiang H, Cheng Z, Xiong Y, Zhao Y, Li Y, Wang X, Peng Z. Clinical Characteristics of 138 Hospitalized Patients With 2019 Novel Coronavirus-Infected Pneumonia in Wuhan, China. *Journal of The American Medical Association* [Internet]. 2020;323:11:1061–1069. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://jamanetwork.com/journals/jama/fullarticle/2761044>
52. Hoffmann M, Kleine-Weber H, Schroeder S, Krüger N, Herrler T, Erichsen S, Schiergens TS, Herrler G, Wu NH, Nitsche A, Müller MA, Drosten C, Pöhlmann S. SARS-CoV-2 Cell Entry Depends on ACE2 and TMPRSS2 and Is Blocked by a Clinically Proven Protease Inhibitor. *Cell* [Internet]. 2020;181:2:271-280. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://click.endnote.com/viewer?doi=10.1016/j.cell.2020.02.052&route=6>

53. Cui J, Li F, Shi ZL. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. Nature Reviews Microbiology [Internet]. 2019;17:3:181-192. [Acesso em: 2021 Jun 21] Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41579-018-0118-9>

Endereço para correspondência:

Eduardo Amadeu Dutra Moresi

Universidade Católica de Brasília

QS 07 – Lote 1 – EPCT – Bloco N

Bairro: Taguatinga

CEP: 71966-700 - Brasília - DF - Brasil

E-mail: moresi@p.ucb.br