



**Artigo de Revisão**

e-ISSN 2177-4560

DOI: 10.19180/2177-4560.v16n12022p112-137

Submetido em: 02 jan. 2020

Aceito em: 26 dez. 2022

***Análise da Propagação de Virose Emergentes Influenciada por Fatores de Comportamento Humano e Ações Antrópicas***

*Analysis of Spread of Emerging Viral Diseases Influenced by Human Behavior and Anthropic Actions*

*Análisis de la Propagación de Enfermedades Virales Emergentes Influenciadas por el Comportamiento Humano y las Acciones Antrópicas*

**Jacqueline Gatti Moreira**  <https://orcid.org/0000-0003-0540-5683>

CEDERJ

Farmacêutica, Licenciada em Biologia, Especialista (MBA) em QSMS

jacquelinegatti@yahoo.com.br

**Juliana Costa de Azevedo Huziwara**  <https://orcid.org/0000-0002-9087-1736>

UNESA

Doutora em Biociências e Biotecnologia, UENF

E-mail: julianacbio@gmail.com

**Kely Cristine Dalia Pereira Reis**  <https://orcid.org/0000-0003-1876-5813>

CEDERJ

Doutora em Ciências Biológicas, UFRJ

E-mail: kelycdp@hotmail.com

**Lucilene Ollivier de Oliveira Lăczynski**  <https://orcid.org/0000-0002-4753-8698>

CEDERJ

Doutora em Biociências e Biotecnologia, UENF

E-mail: [lucileneollivier@gmail.com](mailto:lucileneollivier@gmail.com)

**Marcos Antonio Cruz Moreira**  <https://orcid.org/0000-0001-9928-7846>

Instituto Federal Fluminense.

Doutor em Engenharia Elétrica pela Universidade Federal do Rio de Janeiro: Rio de Janeiro, RJ, BR

E-mail: [macruz@iff.edu.br](mailto:macruz@iff.edu.br)

Resumo: A questão das doenças emergentes infecciosas e sua propagação é um tema mais urgente na atualidade do que em qualquer outra ocasião, tendo em vista a pandemia da COVID-19. Este trabalho propõe comparar a propagação de diferentes virose emergentes, pandêmicas e epidêmicas; avaliar a influência das ações antrópicas e do comportamento humano nestes processos; além

de caracterizar os principais vetores nas viroses emergentes. Isto foi feito por meio de ampla revisão bibliográfica sobre o tema, abrangendo publicações do final dos anos 1980 até 2020. Conclui-se que as modificações antrópicas associadas à agricultura intensiva fazem com que vetores se tornem sinantrópicos. A expansão em áreas novas provoca a entrada em nichos onde novos agentes podem ser encontrados. A criação extensiva porco-pato tradicionalmente praticada na China, coloca duas espécies em contato, favorecendo um laboratório natural para novas cepas recombinantes para gripe. No fator comportamento humano a facilidade de deslocamento, principalmente o transporte aéreo internacional, globalização, contribuem muito para rápida disseminação das doenças. Os resultados dessa pesquisa reforçam que a emergência das viroses está diretamente relacionada a fatores comportamentais humanos e as ações antrópicas.

Palavras-chave: Doenças Emergentes. Coronavírus. COVID-19

Abstract: The issue of emerging infectious diseases and their spread is a more urgent topic today than at any other time, in view of the COVID-19 pandemic. This work proposes to compare the spread of different emerging, pandemic and epidemic viral diseases. To evaluate the influence of human actions and human behavior in these processes and also characterizes the main vectors in emerging virus diseases. This is done through a wide bibliographic review on the topic, covering publications from the late 1980s to 2020. Anthropogenic changes associated with intensive agriculture cause vectors to become synanthropic. The expansion in new areas causes entry into niches where new agents can be found. In the extensive pig-duck breeding traditionally practiced in China, two species come into contact, favoring a natural laboratory for new recombinant strains for influenza. In the factor of human behavior, ease of travel, especially international air transport as well as globalization, strongly contribute to the fast spread of diseases. The results of this research reinforce that the emergence of viral diseases is directly related to human behavioral factors and human actions.

Keywords: Emerging Diseases. Coronavirus. COVID-19.

Resumen: El tema de las enfermedades infecciosas emergentes y su propagación es un tema más urgente hoy que en cualquier otro momento, ante la pandemia del COVID-19. Este trabajo propone comparar la propagación de diferentes enfermedades virales emergentes, pandémicas y epidémicas. Evaluar la influencia de las acciones y el comportamiento humanos en estos procesos y también caracterizar los principales vectores en las enfermedades víricas emergentes. Esto se hace a través de una amplia revisión bibliográfica sobre el tema, que abarca publicaciones desde finales de los 80 hasta 2020. Los cambios antrópicos asociados a la agricultura intensiva provocan que los vectores se vuelvan sinantrópicos. La expansión en nuevas áreas provoca la entrada a nichos donde se pueden encontrar nuevos agentes. En la cría extensiva de cerdo-pato que se practica tradicionalmente en China, entran en contacto dos especies, lo que favorece un laboratorio natural para nuevas cepas recombinantes de influenza. En el factor del comportamiento humano, la facilidad para viajar, especialmente el transporte aéreo internacional, así como la globalización, contribuyen en gran medida a la rápida propagación de enfermedades. Los resultados de esta investigación refuerzan que la aparición de enfermedades virales está directamente relacionada con factores de comportamiento y acciones humanas.

Palabras clave: Enfermedades Emergentes. Coronavirus. COVID-19.

## ***1 Introdução***

Morse (1995) define doenças emergentes como infecções que apareceram recentemente ou que já existiam e cresceram rapidamente em incidência ou área geográfica. Merecendo destaque a Síndrome da Imunodeficiência Adquirida (AIDS/SIDA) e o Hantavírus e suas emergências provocadas por fatores ecológicos e demográficos. Segundo Hahn et al. (2000), a emergência está associada a mudança de comportamento ambiental ou humano, destacando-se o caso da AIDS.

Morse (1995) ainda descreve fatores específicos que desencadeiam essas doenças que incluem aspectos ecológicos, ambientais, e demográficos, ao colocarem um maior número de indivíduos em contato com microorganismos desconhecidos ou hospedeiros naturais promovendo a disseminação das doenças. Juntamente a esses fatores o autor destaca a evolução contínua das variantes virais e microbianas e a seleção para resistência

a medicamentos o que, segundo o autor, sugere que as doenças continuarão a surgir e aumentar a necessidade controle epidemiológico.

Cunningham et al. (2017) relatam que, na década de 1990, Morse (1995) e Krauser (1994) começaram a ver semelhanças entre as doenças emergentes infecciosas e passaram a identificar padrões entre suas origens e emergências. As semelhanças incluem uma tendência para patógenos zoonóticos originados da vida selvagem em regiões tropicais, destacando o vírus Ebola. Já a emergência está ligada à interação humana com a vida selvagem. No que diz respeito ao vírus Nipah, segundo Chua et al. (2000), sua emergência é causada por animais domésticos que tiveram contato com animais selvagens.

Morse (1995) afirma que as infecções podem ocorrer pela introdução do agente etiológico em outras espécies (transposição de barreira entre espécies) ou como uma variante de uma infecção humana existente. Schatzmayr (2001) exemplifica o que Morse (1995) afirmou: presente nos primatas não-humanos o vírus HIV ultrapassou a barreira entre espécies e atingiu o homem.

Fauci e Morens (2012) afirmam que as doenças infecciosas apresentam peculiaridades que as distinguem de outras doenças humanas, tais como o caráter imprevisível e explosividade em nível global, transmissibilidade, relação estreita com meio ambiente e o comportamento humano, a prevenção e a erradicação. Ainda segundo os autores a maior parte dos patógenos que causam tais doenças têm origem zoonótica, reforçando os resultados de Morse, e são mantidas na natureza em ciclos que envolve um vetor e um animal silvestre.

Morse (1995) cita fatores que isolados ou associados contribuem para precipitarem as emergências, como exemplo a AIDS/SIDA. Segundo o autor embora a precisão da ascendência do HIV-1 (mais frequente a nível mundial) ainda é incerta parece ter origem zoonótica reforçando a falta de evidência relatada por Faria et al. (2014).

As doenças emergentes compreendem duas categorias principais: as novas (emergentes, propriamente ditas) e as reemergentes (MORENS e FAUCI, 2013). Ainda de acordo com estes autores, 60 a 80% das doenças emergentes que afetam os humanos têm origem animal, notadamente em roedores e morcegos. Os casos mais significativos de doenças emergentes foram, até o momento (2020) a Peste Bubônica (24 a 40 milhões de mortos), Influenza em 1918 (Gripe Espanhola) com 50 milhões de mortos e HIV/AIDS (36.3 milhões de óbitos até 2021, de acordo com UNAIDS, 2021).

Schatzmayr (2001) afirma que a maioria das infecções são de origens viral, citando vários casos, sendo novamente a AIDS/SIDA merecedora de destaque como doença emergente originada de regiões centrais da África e que se propagou pelo mundo. Parvez e Parveen (2017) descrevem que a descoberta do Vírus da Imunodeficiência Humana (HIV) criou uma consciência mundial que despertou o interesse em pesquisas de

novos patógenos virais emergentes, sendo que nas últimas décadas novos surtos de infecções levaram a descobertas de diversas variedades de vírus altamente patogênicos.

A definição de doenças epidêmicas e pandêmicas, assim como seus vetores e fatores que causam a emergência e reemergência são bastante discutidos na literatura acadêmica. A questão de doenças infecciosas estava fora de foco de pesquisas nos anos 1970, pela redução histórica em função das vacinas, antibióticos e saneamento. A partir dos surtos de *Legionella*, Ebola e HIV/AIDS, a situação se altera e nos anos 1990 pesquisas começam a investigar os padrões relacionados às origens e emergência destes surtos (CUNNINGHAM et al., 2017).

A quantidade de trabalhos recentes reflete a preocupação com epidemias nos últimos anos - MERS, SARS, H1N1 - para citar alguns exemplos, cenário já consideravelmente ampliado com a pandemia atual de COVID-19. Não obstante, alguns trabalhos fundamentais (por exemplo LEDERBERG, 1992; MORSE, 1995; DOBSON e FOUFOPOULOS, 2001; JONES et al., 2008) são referências extensivamente citadas e, por esta razão, não foram deixados de fora da bibliometria, como será exposto na seção “Material e Método”.

### *1.1 Doenças Emergentes, Pandemias e Epidemias*

Quanto ao termo “Pandemia”, Morens et al. (2009) relatam que o surgimento repentino e rápido da propagação global de um novo vírus da gripe H1N1 causou confusão quanto ao significado da palavra. A hipótese de que o termo pudesse ter uma definição consensual não se comprovou e o assunto era longamente debatido e discutido, não chegando a nenhum acordo, persistindo a dúvida. O que é uma pandemia? Ainda segundo os autores, as definições então correntes sobre o termo pandemia incluem “extensivamente epidêmica” (Lippincott et al. 2006); e ainda “Epidemia sobre uma área muito ampla e geralmente afetando uma grande proporção da população” (Last, 1988). Apesar de ser intuitivo pensar em que pandemia seja uma epidemia muito grande, não há consenso. Morens et al. (2009) relatam ainda que nos séculos XVII e XVIII os termos epidemia e pandemia eram usados de forma intercambiável nos contextos médicos e sociais, que em 1828 Noah Webster na primeira edição do dicionário Webster lista “epidemia” e “pandemia” como sinônimos.

Ao longo do tempo o uso do termo pandemia caiu em desuso, reaparecendo, segundo Morens et al. (2009), com a pandemia de influenza em 1889, talvez segundo os autores, pelo caráter explosivo, de rápida expansão global da gripe neste ano. Mais tarde o termo pandemia volta a ser algo impreciso tornando-se intimamente associado a algo histórico (Cólera e Peste Bubônica) e não a eventos contemporâneos. Os autores citados (Morens et al.) concluem sugerindo a definição de pandemia como uma grande epidemia. Mesmo não havendo um consenso sobre o termo pandemia no contexto da própria OMS (DOSHI, 2011; KELLY, 2011), a organização classifica as epidemias e pandemias, em seis grandes categorias (WHO, 2014), a saber:

- Doenças de transmissão aérea Influenza (gripes sazonais, pandêmicas e aviárias), SARS-CoV (Síndrome Respiratória Aguda Grave), MERS-CoV (Síndrome Respiratória do Oriente Médio). Deve ser observado que a classificação da COVID-19 como doença de transmissão aérea (*airborne*) ainda é debatida (LEWIS, 2020)<sup>1</sup>;

- Doenças transmitidas por vetores (Febre Amarela, Febre do Oeste do Nilo);
- Doenças transmitidas pela água (Cólera, Febre Tifóide, Shigelose);
- Doenças transmitidas por roedores (Peste Bubônica, Leptospirose, Hantavirose, Febre de Lassa, Rickettsia);
- Febres Hemorrágicas: Ebola, Marburg, Vale do Rift, Criméia-Congo;
- Outras zoonoses (Infecção de vírus Nipah, Infecção de vírus Hendra, Varíola de Macaco - *monkeypox*);

Bertucci (2009) faz uma comparação histórica que chama a atenção para a letalidade das pandemias. A Primeira Guerra Mundial vitimou aproximadamente 8 milhões de pessoas, enquanto a Gripe Espanhola foi letal para mais de 20 milhões em todo mundo – outros autores como Morens e Fauci (2013), citados anteriormente, estimam esse número em 50 milhões. Com a chegada da Gripe o cotidiano dos brasileiros foi drasticamente alterado. A “Espanhola” chegou ao Brasil pelos mares, a bordo do navio Demerara que vindo da Europa trazia embarcados alguns doentes. O Rio de Janeiro foi a cidade no Brasil que mais sofreu com a doença.

Para conter a epidemia da Gripe Espanhola, procedimentos semelhantes aos de hoje frente a COVID-19 foram postos em prática, como construção de hospitais (provisórios) para socorrer a população em geral e restrições a aglomeração como: o fechamento de cinemas, parques e teatros. Beijos e abraços passaram a ser condenados, e nada de cumprimentar com aperto de mãos (BERTUCCI-MARTINS, 2003). Remédios ou vacina para combater a doença não existiam. Quando se especulava a possibilidade de algum remédio para enfermidade, no caso o quinino, era uma corrida nas farmácias (BERTUCCI-MARTINS, 2003), como se pode observar nos dias de hoje no caso da COVID-19, a procura pela hidroxicloroquina e a cloroquina ainda sem comprovação científica.

## 1.2 *Vírus – definição*

Liberato (2013) define vírus como sendo arranjos moleculares formados por ácido nucléico recoberto por proteínas, denominadas capsômeros; estes se agrupam formando uma capa proteica chamada de capsídeo. Ao conjunto formado pelo ácido nucléico e o capsídeo denomina-se nucleocapsídeo. Os vírus que apresentam

---

<sup>1</sup> Lewis (2020) mostra que não há consenso entre os cientistas que o coronavírus seja um vírus *airborne*. Uma parte das autoridades de saúde relata que o vírus é transportado apenas através de gotícula de tosse ou espirro, tanto diretamente ou através de contato de objeto contaminado. Mas há outro grupo de cientistas que diz haver evidência que o vírus seja transmitido no ar por partículas menores, aerossóis. Ainda segundo Lewis a OMS afirmou não haver evidências suficiente para sugerir que o SARS-CoV 2 seja transmitida pelo ar, exceto em alguns contextos médicos.

estas estruturas são chamados de vírus não-envelopados; já as partículas virais que apresentam envoltório lipídico que recobre o nucleocapsídeo são denominados de vírus envelopados. Estes quando tratados com agentes lipolíticos (solventes, detergentes) ficam inativos diferentemente dos não-envelopados, que permanecem virulentos após submetidos a este tipo de tratamento.

Ainda segundo Liberato (2013), os vírus diferem dos seres vivos pelo fato deles serem arranjos moleculares, não possuindo estruturas celulares, sendo especializados em transferir seu material genético para o interior das células de seus hospedeiros.

Murray et al. (2017) definem vírus como partículas infecciosas de diâmetro variando de 18 a 300 nanômetros, sendo que a maioria dos vírus apresentam diâmetros menor que 200 nanômetros. Segundo os autores foram descritas vinte e cinco famílias com mais de 1550 espécies de vírus e muitas associadas a doenças que acometem humanos.

Liberato (2013) afirma que quando a célula do hospedeiro é competente, isto é, possui repertório enzimático para síntese dos componentes virais, ela processará o genoma viral produzindo virion, partícula viral completa de grande poder infeccioso. Quanto maior for a quantidade de células competentes maior será a expressão da virose sendo mais grave o quadro. Dependendo da quantidade de células competentes capazes de produzir o vírus pode-se ter casos mais graves, brandos ou assintomáticos.

Shereen et al. (2020) descrevem os Coronavírus como sendo minúsculos, de diâmetro (65-125nm) apresentando 1 fita de RNA simples como material nucléico variando 26 a 32 kbps<sup>2</sup>. A família Coronavírus possui 4 subgrupos alfa, beta, gama e delta (Figura 1). Somente as linhagens alfa e beta são capazes de infectar humanos. Tanto o SARS-CoV quanto o MERS-CoV e o SARS-CoV-2 pertencem ao subgrupo BetaCoronavírus.

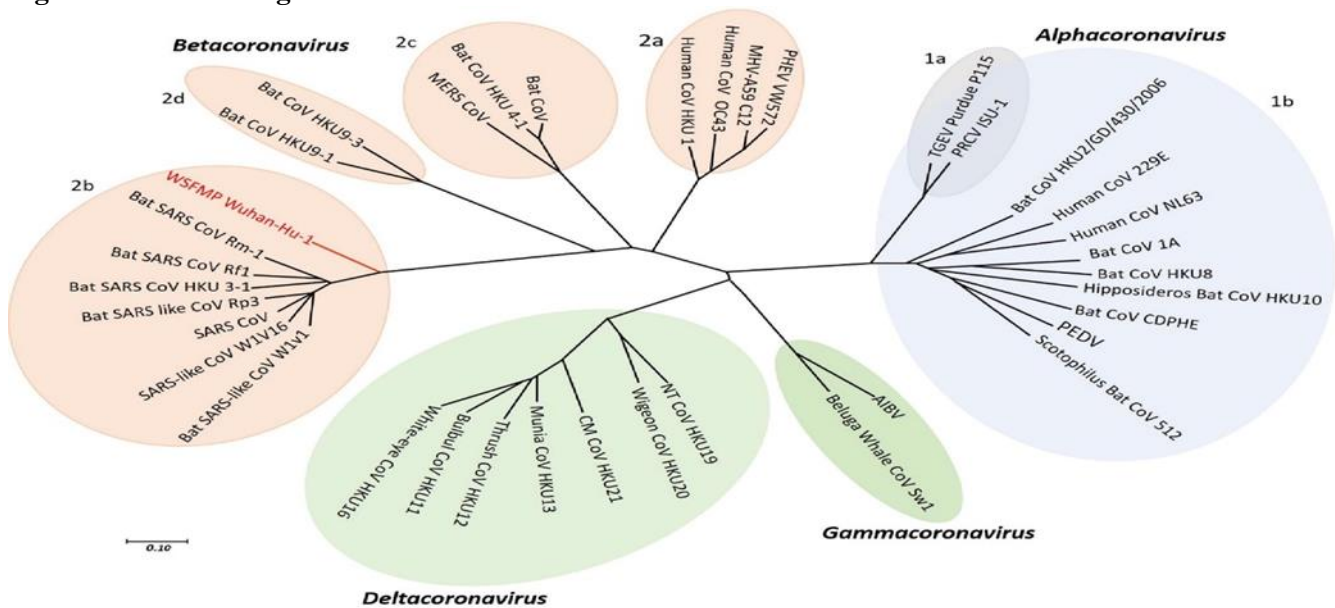
Shereen et al. (2020) comparam o SARS-CoV, que surgiu Guangdong/China em 2003 e infectou 8.098 indivíduos em todo mundo com taxa de mortalidade de 9% em 26 países, com o SARS-CoV-2 (de 2019) que até a data de publicação do seu artigo já tinha atingido 120.000 indivíduos com taxa de mortalidade 2,9% em 109 países. Eles comprovaram que a taxa de transmissão do SARS-CoV-2 é duas vezes maior que a do SARS-CoV, ainda segundo Shereen et al. a razão poderia ser evento de recombinação genética na proteína S (*spike protein*) responsável pela adesão do vírus na célula do hospedeiro na região do RBD (domínio ligante do receptor), melhorando sua transmissibilidade.

De acordo com Shereen et al. (2020) em 2013 outro Coronavírus o (MERS-CoV) causou surto de síndrome respiratória no Oriente Médio infectando 2428 indivíduos com 838 mortes.

---

<sup>2</sup> O tamanho dos ácidos nucleicos e moléculas de proteínas são medidos em diferentes unidades. Para DNA e RNA o comprimento é medido na unidade de conveniência “pares de bases” (base pairs) ou kbps (kilobase pairs) (Wiley on Line Library)

**Figura 1. Árvore Filogenética dos Coronavírus**



Fonte: Shereen et al. (2020), adaptada pelos autores (2020).

Shereen et al. (2020) afirmam que tanto o Coronavírus da Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS-CoV), os vírus Influenza A H5N1, H1N1 (2009) e a Síndrome Respiratória no Oriente Médio (MERS-CoV) todos causam Lesão Pulmonar Aguda (LPA) e Síndrome do Desconforto Respiratório Aguda (SDRA) que levam a falha respiratória e resultam em mortalidade.

### 1.3 Pandemias causadas pelo vírus Influenza

As gripes são causadas por vírus de RNA, por isso apresentam altas taxas de mutação. Auerbach et al. (2013) destacam que gripes causadas por vírus influenza em humanos podem ser de três grupos: tipos A, B e C; sendo que esses grupos apresentam subgrupos determinados pela proteína presente em sua superfície viral: hemaglutinina (H) e neuraminidase (N). Os mesmos autores também relatam que em 2009 surgia a Influenza A H1N1 também conhecida como gripe suína, caracterizada por ser um vírus híbrido com variantes de genes de aves, suínos e humanos. Eles afirmam que os vírus do tipo A são responsáveis por grandes pandemias como foi o caso do H1N1. Já a Influenza do grupo B pode até desenvolver complicações mais graves, mas com pequeno potencial para causar uma pandemia sendo classificada como gripes sazonais. O grupo C são responsáveis por infecções respiratórias menos graves.

Morse (1995) descreve dois mecanismos distintos para o reaparecimento da gripe. Nos casos das epidemias anuais ou bienais o mecanismo envolve novas variantes devido à deriva antigênica e mutações pontuais, principalmente no gene da proteína de superfície Hemaglutinina. Já no caso das cepas pandêmicas a mudança antigênica se dá por rearranjo genético geralmente entre cepas de influenza aviária e de influenza de mamíferos.

A OMS, segundo Morens et al. (2009), desenvolveu um plano de preparação com seis fases para antes e durante a pandemia, como forma de lidar com as gripes influenza, chamado Programa Global de Gripe (WHO, 2005). As fases pandêmicas tinham o propósito de informar e comunicar ao público e aos órgãos nacionais de saúde o alerta para desencadear respostas de saúde pública.

Doshi (2011) afirma que embora a OMS tenha apresentado descrição sobre gripe pandêmica, a organização nunca estabeleceu uma definição formal e os critérios para declarar uma pandemia. Ainda segundo o autor, os surtos de gripe com rótulo de pandemia foram aqueles sistematizados no quadro 1.

**Quadro 1. Surtos de Influenza que receberam o rótulo de Pandemia**

ANO	VIRUS	NOME	DESCRIÇÃO
1918	H1N1	Gripe Espanhola	‘devastadoramente pandêmica’ (US CDC)
			‘severa’ (US CDC)
			‘excepcional’ (OMS)
1957	H2N2	Gripe Asiática	‘relativamente suave’ (OMS)
			‘substancialmente pandêmica’ (OMS)
			‘severa’ (US CDC)
			‘moderada’ (US HHS)
1968	H3N2	Gripe de Hong Kong	‘moderada’ (US CDC)
			‘enorme impacto econômico e social’ (UK DoH)
			‘suave’ (OMS)
			‘substancialmente pandêmica’ (OMS)
1977	H1N1	Gripe Russa	‘suave’ (US CDC)
			‘pandêmica benigna’ (OMS)
2009	H1N1	Gripe Suína	‘quadro clínico amplamente tranquilizador’ (OMS)
			‘moderada’ (OMS)

Fonte: Doshi, 2011. Adaptação dos autores (2020).

Parvez e Parveen (2017) descrevem a gripe espanhola como sendo a calamidade natural mais devastadora da história humana com dezenas de milhões de baixas. Destacam também a volta de novas



pandemias de gripe. Como a de 1957 denominada ‘gripe asiática’. Mais tarde em 1968, a ‘gripe de Hong Kong’ que matou cerca de 3 milhões de pessoas. Ainda segundo o autor, a reemergência mais recente de gripe influenza nesta escala foi a ‘gripe suína’ que custou 18.500 vidas.

#### 1.4 Vetores e Ações Antrópicas

Para os autores Parvez e Parveen (2017), fatores como ações antrópicas, alta densidade populacional, além da introdução de vetores antropofílicos criam pressão seletiva nos hospedeiros e nos reservatórios. Eles citam como exemplo o CHIKV (Chikungunya) que evoluiu muito após ser introduzido em novos locais e ter encontrado novos vetores. No caso, o *Aedes albopictus* era o principal vetor do Chikungunya e não o *Aedes aegypti* no subcontinente indiano.

Após a epidemia de Chikungunya de 2004-2009 a mesma cepa viral se espalhou e os mutantes subsequentes passaram a circular e persistirem de forma mais eficiente (TSETSARKIN e WEAVER, 2011). Essa mutação foi identificada em 905 das cepas com um alto potencial pandêmico (TSETSARKIN et al., 2007). O vírus que inicialmente era transmitido por mosquito passou - embora raramente - ser transmitido também por relações sexuais, salivas, leite materno e transfusão de sangue.

Wilson et al. (1994) preconizam que as viroses são desencadeadas por atividades humanas que modificam o meio ambiente, em especial, pela pressão demográfica. Neste sentido, Schatzmayr (2001) ainda destaca a presença dos vírus Junin e Machupo, ambos agentes de febres hemorrágicas, transmitidos pelos roedores silvestres que assolaram a Argentina e Bolívia.

Ainda segundo Schatzmayr (2001), a expansão da agricultura em áreas novas, juntamente às práticas de colheitas e beneficiamento, acabou por adentrar em nichos ecológicos onde novos agentes foram encontrados. No caso da Argentina, houve o aumento de produção de grãos atraindo os roedores silvestres que se aproximaram do homem em busca de alimento.

Schatzmayr (2001) ainda destaca a disseminação do *Aedes aegypti* e da febre amarela pelos navios que atracavam em portos brasileiros no século XVI. Pelo mesmo mecanismo ocorreu a disseminação do *Aedes albopictus* que se espalhou do Sudeste Asiático se adaptando perfeitamente nos países tropicais.

No caso do Hantavírus, Schatzmayr (2001) afirma que o seu nome é derivado do nome de um rio da Coreia. Ele inclui o vírus Haatan que causou infecções em soldados americanos durante a Guerra da Coreia, só sendo isolado em 1976. Segundo Ferreira (2003), o Hantavírus apresenta distribuição mundial e com a expansão das áreas urbanas em locais considerados rurais permite maior contato do homem com os reservatórios naturais do Hantavírus.

Schatzmayr (2011) afirma que a possibilidade de deslocamento rápido para qualquer ponto do planeta por transporte aéreo tem proporcionado o deslocamento de vetores de um continente para o outro, bem como contato direto com o homem, mesmo em áreas remotas, por isso a importância de se evitar a importação de animais pois os mesmos podem trazer novos agentes de doença.

Lima-Câmara (2016) cita a modificação do meio ambiente por ações antrópicas, crescimento urbano desordenado, globalização e mudanças climáticas como fatores que facilitam a emergência e dissimilação de arboviroses transmitida por insetos vetores. No caso da globalização, a autora afirma que o deslocamento voluntário – por razões de lazer, trabalho e estudo; ou involuntário – por motivos de refúgio após desastres naturais ou guerras, são movimentos populacionais que podem aumentar o risco de viajantes transportarem consigo patógenos ainda não detectados ou novas cepas mais resistentes de um determinado vírus que não existia antes nas áreas que recebem este fluxo de pessoas. É mister analisar e compreender a influência das ações antrópicas e o comportamento humano nas emergências, e assim entender como esses dois fatores podem influenciar na propagação de tais doenças.

### *1.5 Objetivos*

As doenças emergentes e reemergentes têm o potencial de produzir consideráveis danos à vida e ao bem-estar de todos os povos (QIU et al. 2017), fator agravado pela virulência da moléstia e pela globalização do mundo atual. A situação é evidente no momento, com a pandemia de Covid-19. Nesse contexto, a compreensão dos fatores relacionados ao surgimento dos surtos, tais como as ações antrópicas e o comportamento humanos são de extrema importância. Os objetivos deste trabalho são comparar a propagação de diferentes doenças infecciosas emergentes pandêmicas e epidêmicas, avaliar influência das ações antrópicas nas viroses emergentes, caracterizar os principais tipos de vetores nas viroses emergentes e avaliar a influência do comportamento humano nestes processos.

## **2 Material e Método**

O escopo do trabalho foi limitado às infecções emergentes que produziram epidemias e pandemias, segundo classificação feita pela OMS, conforme descrito na seção 1.1. Esta classificação conjunta da OMS também serviu de base para a não-distinção entre epidemias e pandemias, visto que os fatores de surgimento e medidas de prevenção são os mesmos.

O material foi obtido nas bases Scielo, DOAJ (Directory of Open Access Journals Free), EBSCOhost Academic Search Premier, EBSCOhost MEDLINE Complete, ROAD: Directory of Open Access Scholarly, Royal Society, PubMed, Elsevier, Free E-journals, NIH Public Access, a partir de buscas nos portais Periódicos Capes e Scholar Google, com os seguintes descritores:

- “viroses” AND “ações antrópicas”
- “viroses emergentes” AND “globalização”
- “anthropic actions” AND “diseases”
- “emerging diseases”
- “epidemic”

- “infectious diseases’
- “COVID transmission”

As buscas foram efetuadas no portal de periódicos da CAPES no período de abril/maio/junho de 2020. Os descritores foram buscados no campo assunto, modo Busca Avançada, qualquer ocorrência no título ou assunto; data qualquer ano; qualquer idioma; tipo de material: livros e artigos.

A seleção foi efetuada considerando aqueles cuja descrição no resumo/*abstract* envolvessem conexões claras entre as doenças infecciosas listadas na seção 1.1 e fatores antrópicos e comportamentais. Observe-se que a busca não limitou o ano inicial de pesquisa, pelas razões expostas na seção “Introdução”: alguns trabalhos fundamentais são do começo dos anos 1990. O acesso a estes trabalhos fundamentais (*seminal papers*) não foi aleatório, porém efetuado a partir de uma amostragem de conveniência, verificando quais eram as referências mais antigas e mais citadas.

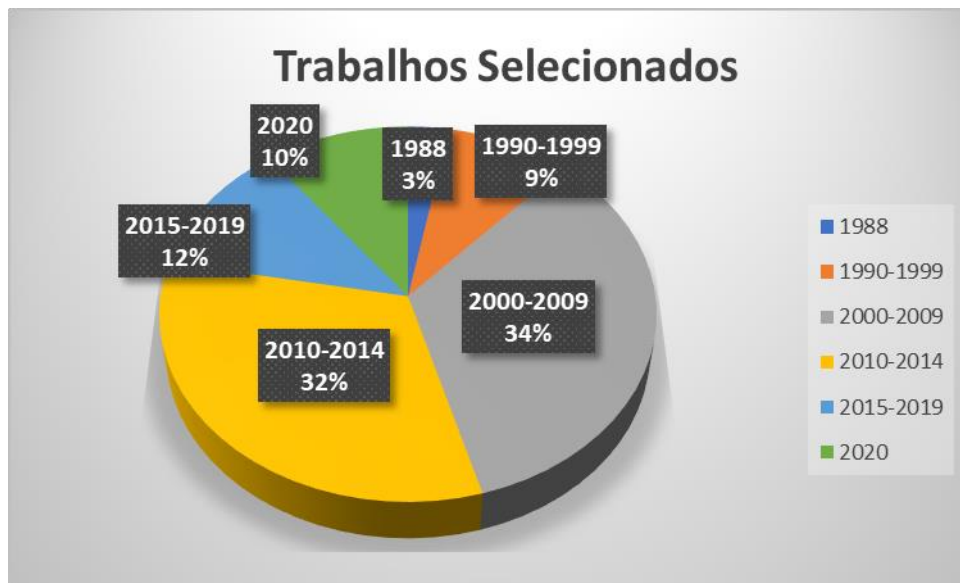
### **3 Resultados**

Um total de mais de 504 trabalhos foram obtidos utilizando-se as palavras chaves acima e 70 foram selecionados para compor a revisão. Os trabalhos selecionados distribuem-se no tempo conforme se apresenta no gráfico 1 a seguir.

Esta abundância de trabalhos acadêmicos dá oportunidade a uma revisão sistemática da questão, permitindo avaliar o peso das ações antrópicas, a predominância de infecções virais e o papel do comportamento humano na expansão destas doenças.

Observou-se que os trabalhos iniciais (década de 1980) tratavam de Influenza. Na década de 1990 surgem os trabalhos clássicos sobre doenças infecciosas emergentes. No início dos anos 2000 (até 2009) predomina o tema das ações antrópicas. Nenhum tema em especial predomina entre 2010 e 2019. Em 2020 abundam trabalhos sobre a COVID-19, dado o estabelecimento desta pandemia;

**Gráfico 1. Distribuição no tempo dos trabalhos selecionados.**



Fonte: Autores (2020).

### 3.1 - Mecanismos de viroses emergentes e vírus RNA

Parvez e Parveen (2017) destacam que o surgimento de vírus pandêmicos ainda continua sendo um enigma. Postulam que o intrincado relacionamento ‘hospedeiro-patógeno-ambiente’ é a chave para se entender o surgimento e reemergência de vírus patológicos.

Garcia e Macedo (2013), afirmam que os vírus RNA apresentam altas taxas de mutação por utilizar a enzima RNA polimerase das células do hospedeiro, não possuindo um sistema de reparo que reduza a taxa de erro, levando a mutações enquanto realizam a cópia do material do vírus no interior das células. Assim quando a mutação é favorável, confere maior variação genética. Isto aliado a outros fatores como o tamanho da população infectada e o ciclo de vida rápido do vírus contribui para sua evolução quando submetido à seleção natural seguida pelo estabelecimento e rápida disseminação dentro de uma nova população hospedeira.

Parvez e Parveen (2017) ratificam que, devido ao mecanismo propenso a erro da enzima RNA polimerase, o RNA é mais sujeito a mutações, o que faz com que os vírus RNA tenham ciclo evolutivo mais rápido e mais adaptado ao seu hospedeiro humano quando comparados com os vírus DNA.

Morse (1995) descreve três mecanismos de origem de viroses emergentes e reemergentes:

1º mecanismo - Surgimento de vírus desconhecido por evolução de nova variante viral. Merecendo destaque a facilidade de adaptação principalmente dos vírus RNA através de mecanismo de mutação e recombinação genética que resulta em novos padrões genômicos, podendo levar mediante seleção natural amostras de maior virulência.

2º mecanismo - Introdução no hospedeiro de um vírus existente em uma outra espécie. Quando ocorre transposição de barreira entre espécies.

3º mecanismo - Disseminação de determinado vírus a partir de uma pequena população humana, ou animal, na qual esse vírus surgiu.

### 3.2 - Viroses e suas formas de contágio

Liberato (2013) define viroses como sendo fenômenos exclusivos dos seres vivos, podendo ser consideradas como um dos fatores envolvidos na seleção das espécies na natureza, onde somente os mais aptos sobrevivem. O autor afirma que a instalação das viroses nos seres vivos depende de células competentes (possuir repertório enzimático) para a produção de vírus.

Quanto às formas de contágio, segundo Liberato (2013), seguindo um caráter antropocêntrico podem ocorrer de três formas:

Transmissão horizontal ocorrendo de indivíduos contaminados para indivíduos saudáveis. Nesse tipo de transmissão as pessoas podem adquirir as viroses através de mucosas, alimentos contaminados ou mesmo quando alguém espirra e perdigotos contaminados atingem uma pessoa saudável.

Transmissão vertical: esse tipo de transmissão ocorre de indivíduo que já nasceu para um não-nascido. São viroses transmitidas da gestante para o feto ditas “adquirida *in utero*”. Infecções transmitidas pelo aleitamento que também são consideradas transmissão vertical.

Transmissão tangencial está relacionada a acidentes como picada de artrópodes vetores, mordida de animais, inalação de excreta de roedores, acidentes com agulhas contaminadas e outros.

## 4 Discussão

### 4.1- Influência das Ações Antrópicas

As ações antrópicas foram sistematizadas neste trabalho em seis categorias principais, a saber: Agricultura Intensiva, Consumo Alimentar de Animais Selvagens (bushmeat), Falhas Epidemiológicas, Criação Intensiva, Tráfico de Animais Selvagens e Desmatamento.

Esta categorização foi feita a partir de divisões similares propostas por Lederberg et al. (1992), Morse (1995), Smolinski (2003), JONES et al. (2008) e Chastel (2016) e é apresentada no quadro 2.

**Quadro 2. Categorização das Ações Antrópicas**

AÇÃO	DOENÇA	PATÓGENO
1. Agricultura Intensiva e Contato com Roedores Selvagens (MORSE, 1995) (HENKES e BARCELLOS, 2004) (CHASTEL, 2016)	Febre Hemorrágica Argentina Febre Hemorrágica da Venezuela Hantaviroses	Vírus Junin Vírus Guarinito Hantavirus

<p>2. Consumo Alimentar de Animais Selvagens (SMITH <i>et al.</i>, 2012) (PEPIN, 2013) (CHASTEL, 2016) (CUNNINGHAM <i>et al.</i>, 2017) (PARVEZ e PARVEEN, 2017) (SHERREN <i>et al.</i>, 2020)</p>	<p><i>Severe Acute Respiratory Syndrome</i> (SARS) <i>Ebola Virus Disease</i> (EVD) Febre Hemorrágica Ebola AIDS e coinfeções associadas a diferentes retrovirus símios<sup>1</sup> Varíola de Macaco Humana (<i>Human Monkeypox</i>) (YINKA-OGUMLEYE <i>et al.</i> 2018)</p>	<p>Virus SARS-CoV Virus Ebola HIV e diversos retrovírus símios; Monkeypox Virus</p>
<p>3. Falhas na vigilância epidemiológica e na vacinação em massa; relaxamento da higiene pública e hospitalar, expansão de áreas alagadas (CHASTEL, 2016) (DASZAK <i>et al.</i>,2001)</p>	<p>Dengue Febre Amarela Febre do Vale do Rift Febre do Oeste do Nilo e outras viroses transmitidas por mosquitos</p>	<p>DENV-1,2,3 e 4 Vírus da Febre Amarela Vírus RVF Vírus WNV</p>
<p>4. Criação intensiva de porcos e galinhas, concentração de animais em área limitada, contato com morcegos (SCHOLTISSEK e NAYLOR, 1988) (WEBSTER <i>et al.</i>, 1992) (DASZAK <i>et al.</i>, 2001) (CHASTEL, 2016) (MORENS e FAUCI, 2013)</p>	<p>Encefalite (Doença do Vírus Nipah), Gripes aviárias</p>	<p>Virus Nipah  H1N1, H7N3, H7N9</p>
<p>5. Tráfico de animais selvagens (SCHATZMAYR, 2001) (SMITH <i>et al.</i>,2012) (CHASTEL, 2016) (CUNNINGHAM <i>et al.</i>, 2017)</p>	<p>Varíola de Macaco Humana (<i>Human Monkeypox</i>) (YINKA-OGUMLEYE <i>et al.</i> 2018)  <i>Severe Acute Respiratory Syndrome</i> (SARS) <i>Ebola Virus Disease</i> (EVD) Febre Hemorrágica Ebola</p>	<p>Monkeypox Virus   Virus SARS-CoV  Virus Ebola</p>
<p>6. Desmatamento, comprometendo habitats e forçando animais à convivência mais próxima com humanos (NORRIS, 2004)</p>	<p>Febre Lassa  Hantavirose</p>	<p>Lassa Vírus  Hantavirus  Vírus Nipah</p>

(HEYMANN, 2005), (PLOWRIGHT <i>et al.</i> , 2015) (PRIST <i>et al.</i> , 2017)	Encefalite (Doença do Vírus Nipah)  Infecção por Hendra Vírus,  AIDS	HeV  AIDS
--	--	-----------------

<sup>1</sup> Não obstante, a falta de evidência quanto às primeiras transmissões do HIV permite diferentes hipóteses de transmissão (FARIA *et al.*, 2014).

Fonte: Autores (2020).

Na categorização de agricultura intensiva Norris (2004) ratifica que modificações do meio ambiente causada por ações antrópicas associada a atividades econômica faz com que insetos vetores, no caso mosquitos, tornam-se sinantrópicos favorecendo a transmissão dos patógenos ao homem. Schatzmayr (2001) afirma que o dengue causado por quatro tipo de vírus constitui atualmente a mais importante doença viral humana transmitida por mosquito. Ainda no que diz respeito a ações antrópicas, Schatzmayr (2001) alerta que a expansão agrícola em áreas novas, assim como a prática de colheita provoca a entrada em nicho ecológico onde novos agentes podem ser encontrados.

Quanto ao contato com roedores, Morse (1995) explicita a diferença entre o vírus Hantaan, que causa febre hemorrágica coreana na Ásia há séculos, em contrapartida ao vírus Junin causador da febre hemorrágica Argentina. Segundo autor o vírus Hantaan é uma infecção natural do rato do campo, *Apodemus agrarius*, cujo habitat é os campos de arroz as pessoas contraem a doença durante a colheita por contato com os roedores. Já no caso do vírus Junin, causador da febre hemorrágica Argentina, diferentemente do vírus Hantaan, a disseminação ocorreu a partir do cultivo de milho. Esta ação antrópica (atividade agrícola), pela entrada do homem em nicho ecológico facilitou o contato com um roedor hospedeiro natural do vírus, fazendo com que a doença em humanos aumente proporcionalmente à expansão agrícola.

Consumo alimentar de animais selvagens se mescla a outra categorização das ações antrópicas, tráfico de animais (CUNNINGHAM *et al.* 2017). Shereen *et al.* (2020) relatam que no final de 2019 a OMS foi informada pelo governo chinês sobre um surto de pneumonia de etiologia desconhecida, que havia iniciado a partir do Mercado de frutos do mar Hunan, na cidade de Wuhan, onde animais como morcego, sapos e cobras são frequentemente vendidos vivos. Shereen *et al.* (2020) também afirmam que o consumo de animais infectados como fonte de alimento é a principal causa de transmissão animal do vírus (Coronavírus) para o ser humano, e devido ao contato próximo com uma pessoa infectada, o vírus é transmitido para pessoas saudáveis. Morse (1995) descreve que cepa do HIV2 humano se assemelha ao vírus isolado do macaco mangabey fuligem amplamente caçado e consumido em áreas rurais (GAO, 1999).

Cunningham *et al.* (2017) destacam que os animais selvagens são fontes de patógenos que afetam os seres humanos. Esses autores reiteram a hipótese que a maioria dos patógenos emergentes originais em animais selvagens seja passado para hospedeiros humanos devido uma gama de aspectos ecológicos, socioeconômicos

e demográficos. Para os autores novas doenças continuaram a surgir de reservatórios inesperados e por novas vias. Ainda segundo os autores antes de 2000 vírus como Ebola, Marburg, HIV, Vírus Nipah e vírus do Nilo Ocidental eram conhecidos como patógenos de origem selvagem, desde então outras doenças humanas surgiram da vida selvagem incluindo Síndrome Respiratória do Oriente Médio (MERS) e diferentes subtipos da gripe aviária.

Na categoria “Falha na vigilância epidemiológica” Schatzmayr (2001) afirma que diante do surgimento de viroses emergentes e reemergentes formou-se a necessidade de avaliação em âmbito global, com medidas propostas para o controle global destas viroses. Schatzmayr (2001) cita várias entidades como: CDC/Atlanta, as Nações Unidas, a Organização Mundial de Saúde, o Instituto Pasteur e academias de Ciências de vários países, grupos diversos, que levantaram os problemas causados por essas doenças, cujas discussões geraram linhas de atuação que culminaram no documento do CDC/Atlanta publicado em 1999 (CDC, 1999).

Os objetivos traçados naquele documento foram: Objetivo I – Vigilância: Descobrir, investigar e acompanhar os patógenos, as suas causas e os fatores envolvidos. Objetivo II -Pesquisa Aplicada: Integrar laboratórios e a epidemiologia para apoio a saúde pública. Objetivo III - Prevenção e Controle: Estimular a comunicação e a circulação de informações sobre as doenças emergentes e reemergentes para assegurar a implantação de uma estratégia de prevenção. Por último objetivo IV – Infraestrutura: Fortificar as infraestruturas de saúde públicas nos níveis local, estadual e federal (CDC, 1999).

Esta proposta do CDC visa estabelecer sistemas ágeis de reconhecimento de problemas para divulgá-los a nível global e investigar episódios suspeitos de doenças emergente e reemergentes. Schatzmayr (2001) cita a AIDS e a Dengue, doenças que impactam profundamente o sistema de saúde nos países em desenvolvimento, como doenças nas quais se observa a contínua expansão dos números de casos ao longo dos últimos anos sem perspectiva de uma reversão.

Cunningham et al., (2017) relatam que a disseminação global da AIDS despertou a preocupação com as doenças infecciosas acendendo um alerta para políticas de saúde e passaram a estar presente em agendas políticas. Essa preocupação se deu pelo fato de se perceber que as doenças infecciosas emergentes (EIDs) não estavam sobre controle como se pensava. Os autores citam alguns exemplos de EIDs e seus inconvenientes, como a SARS e sua rápida propagação, o vírus Ebola com alta taxa de mortalidade e por último a AIDS cujo desenvolvimento de medicamentos e vacinas tem sido caro e lento.

Já na categorização “criação extensiva de porcos”, Morse (1995), Webster et al. (1992) e Scholtissek e Naylor (1988) afirmam que aves aquáticas no caso patos são reservatórios de influenza e os porcos podem servir de “vaso de mistura” para novas cepas de influenza para mamíferos (DASZAK et al.,2001). Os autores Webster, Scholtissek e Naylor (1992) afirmam que a influenza pandêmica geralmente vem da China.

Quanto a criação extensiva Scholtissek e Naylor (1988) sugeriram que a criação porco-pato, tradicionalmente praticada pela China há séculos, colocam essas duas espécies em contato favorecendo um laboratório natural para fazer novas cepas recombinantes para gripe (DASZAK et. al. 2001).



Webster et al. 1992, relata que o mais surpreendente talvez seja o fato de as gripes pandêmicas ter origem agrícola associada a criação de porcos e patos na China. Na gripe pandêmica segmentos genéticos de duas influenzas se organizam produzindo um novo vírus infectando humanos. Enquanto nas gripes endêmicas outro mecanismo diferente desse é observado no caso geralmente resultam de mutações.

Quanto a categorização “tráfico de animais selvagens”, Schatzmayr (2001) exemplifica a importância de se evitar a importação de animais selvagens já que a introdução de um grupo de Filovírus na Alemanha deu-se através da importação de macacos de Uganda causando a morte de 8 pessoas das 31 que entraram em contato com tecidos dos animais que foram usados em pesquisa. Lembra ainda que o Ebola faz parte desse grupo e em 1976 causou um surto grande no Antigo Zaire e no Sudão cuja origem dos primeiros casos se deu pela entrada de pessoas em nichos ecológicos até em tão isolados.

Quanto a categorização “desmatamento a expansão de áreas alagadas”, também proporciona surto de doenças. Morse (1995) afirma que Surto de febre *Rift Valley* em algumas partes da África foram associadas à construção de barragens.

#### 4.2 - Influência do Comportamento Humano

Os fatores humanos foram sistematizados neste trabalho em seis categorias principais, a saber: Turismo Sexual, Transporte Aéreo Internacional, Comportamento do Hospedeiro Humano, Migração, Teorias da Conspiração e Segurança Ocupacional. O resultado é apresentado no quadro 3. Esta categorização foi feita a partir de divisões similares propostas por Lederberg et al. (1992), Costa (2008) e Chastel (2016).

**Quadro 3. Categorização dos fatores de comportamento humano.**

AÇÃO	DOENÇA	EFEITO
1. Turismo sexual (MORSE, 1995) (CHASTEL, 2016) (COSTA, 2018)	AIDS	Emergência e manutenção de pandemia
2. Transporte Aéreo Internacional e Facilidade de Deslocamento (SCHATZMAYR, 2001) (CAMELLO, 2004) (HEYMANN 2005) (CHASTEL, 2016) (PARRAT et al. 2016) (PARVEZ e PARVEEN, 2017) (GUZMÁN et al. 2020)	Febre do Oeste do Nilo  H1N1, Febre Amarela, Dengue, Zika, Chikungunya e AIDS	Cruzamento do Atlântico pelo WNV  Distribuição mundial destas enfermidades
3. Comportamento do Hospedeiro ( <i>behavioural infectiousness</i> ) (LEDERBERG et al. 1992) (GAO,	SARS  AIDS  Ebola	Propagação dependente dos padrões de contato

1999) (CAMELLO, 2004) (GRASSLY e FRASER, 2006,2008) (GRISOTTI,2010)		
4.Migração (GUSHULAK e MacPHERSON, 2004) (PARVEZ e PARVEEN, 2017)	Hantavirose  Febre do Oeste do Nilo  SARS  <i>Monkeypox</i> ,  Gripes aviárias	Crescente componente de origem estrangeira nas populações de regiões receptoras de imigração, incluindo os Estados Unidos, Austrália, Canadá e Europa Ocidental, juntamente com a prevalência de doenças infecciosas na fonte de imigração
5.Teorias da Conspiração (OLPINSKI,2012) (JOLLEY e Douglas, 2017)	Influenza	Recusa à vacinação
6.Segurança Ocupacional (OLIVEIRA e IGUTI, 2010)	H1N1	Risco aos trabalhadores envolvidos na suinocultura

Fonte: Autores (2020).

Segundo Cunningham et al. (2017), uma síntese publicada em 2000 mostrou fatores antropogênicos comuns, como ameaça de doença à biodiversidade e à saúde humana, incluindo invasão e destruição do habitat da vida selvagem e que até hoje, mais de 20 anos, depois nada mudou.

Categorização denominada como “facilidade de deslocamento”. Tanto Schatzmayr (2001) quanto Camello (2014) destacam a influência da globalização na disseminação de novos agentes de doenças. Para Camello (2014), fatores como globalização, maior interação entre países como rápida locomoção, ações antrópicas que modificam o habitat reservado aos diversos tipos de animais pela expansão demográfica e alterações climáticas contribuem para a dispersão dos insetos. Morse (1995) descreve que foram encontradas emergências exacerbadas pelos aumentos dos volumes de viagens e do comércio globalizado. Observou-se essa mudança com HIV-1 (mais frequente mundialmente) que saiu das áreas rurais espalhou-se regionalmente.

Mais tarde, através de transporte aéreos, disseminou-se por lugares mais distantes que facilitou a pandemia global.

Categoria denominada “Comportamento do hospedeiro” Morens e Fauci (2013) relatam que a AIDS surgiu após múltiplos eventos independentes nos quais o vírus saltou de um hospedeiro primata (chimpanzé) para humanos e, como resultado de uma complexa gama de fatores sociais e demográficos, espalharam-se prontamente na população humana. Ainda segundo os autores, na África subsaariana vários fatores foram responsáveis pela rápida expansão dentre eles, tais como movimento humano ao longo de rotas de caminhos, acompanhado de trabalho sexual.

Costa (2018) afirma que além dos processos migratórios, da interação com a fauna outros processos contribuem para o surgimento e disseminação de novos patógenos dentre eles uso de drogas ilícitas, práticas sexuais inseguras.

A Teoria da conspiração é uma ação que contribui para a disseminação de certas doenças. Parvez e Parveen (2017) ressaltam a eficiência de vacinas disponíveis contra importantes vírus humanos exemplificando a vacina HBV (vírus da hepatite B e a vacina para o papilomavírus. Guimarães et al descrevem que a questão ao redor da Covid -19 se tornou politizada, já que alguns líderes mundiais se negaram a adotar medida de isolamento como método preventivo, buscando soluções rápidas e baratas, além disso observou-se a propagação de comportamento negacionistas contra a ciência e de atos de desinformação, como o compartilhamento de notícias falsas nas redes sociais que iam de encontro às recomendações da OMS. Ela afirma que há maiores probabilidades de as pessoas acreditarem em informações falsas se essas informações estiverem alinhadas a ideologias políticas. Dessa forma, as teorias da conspiração sobre origem do vírus, tratamento da doença, distanciamento físico começam a ganhar força ocorrendo a minimização da gravidade da situação. Não obstante, a questão do negacionismo como fenômeno sociológico está fora do escopo deste trabalho.

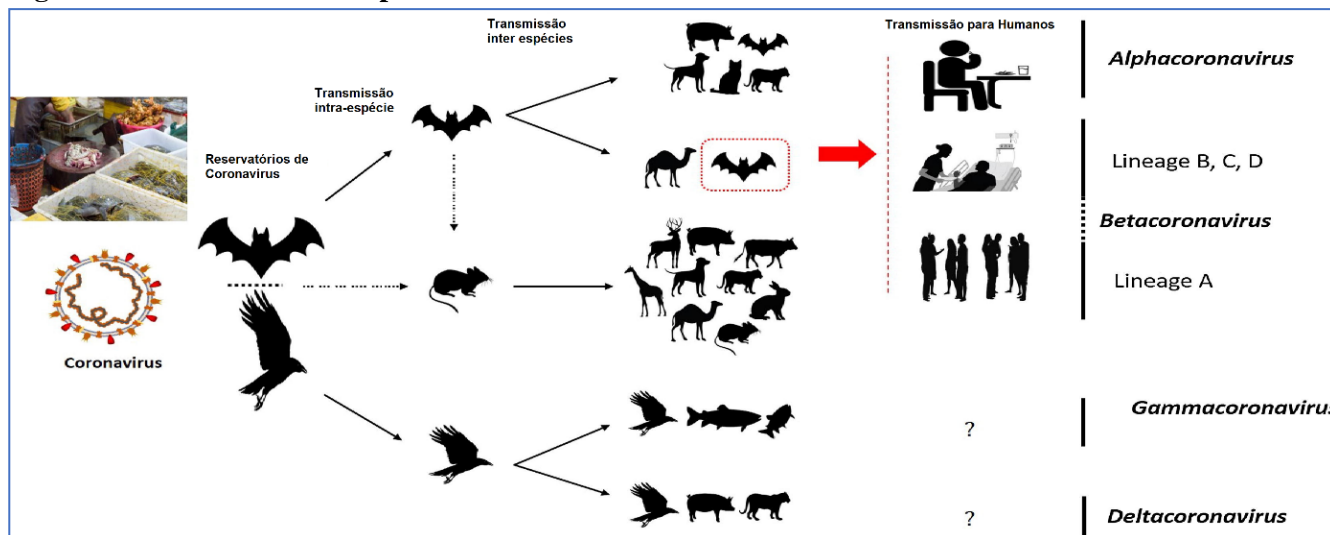
#### *4.3 Viroses e Vetores*

Cunningham et al. (2017) relatam um aumento no surgimento de doenças zoonóticas virais da vida selvagem causando as vezes surtos fatais de proporções epidêmicas. Dados estatísticos da OMS (apud LIBERATO, 2003) comprovam que 2/3 das doenças infectocontagiosas que acometem os seres humanos são viroses. De acordo com Cleaveland (2011), 80% dos vírus conhecidos que infectam humanos encontram-se em reservatórios não humanos como mamíferos e aves de criação, e em menor grau, em animais selvagens e artrópodes. Estima-se que as zoonoses constituem cerca de 60% dos patógenos humanos, sendo limitado o conhecimento dessas viroses assim como a própria diversidade desses vírus em seus reservatórios conhecidos. O conhecimento já é limitado sobre as dezenas de vírus presentes nos animais domesticados, mas é ainda mais limitado sobre os milhares de vírus presentes em animais selvagens.

Cleaveland, 2011 cita como exemplo de vírus humano emergente, a nova gripe, sequência de cepas humana (hCoV), vírus Hendra, vírus Nipah e vários outros relacionados a zoonoses. Ele ainda descreve que o recente surto de MERS-CoV está mais próximo de sua origem zoonótica, por sua estreita homologia genética com o Coronavírus do Morcego, porém nenhuma homologia com qualquer outros Coronavírus humanos (hCoV).

Cunningham (2017) relata que o surgimento de doenças infecciosas emergentes EIDs virais de humanos originária de morcegos foi apresentada por Daszak et al (2001). Desde então, foi demonstrado que os morcegos são reservatórios e hospedeiros de inúmeros vírus zoonóticos incluindo patógeno de altas de letalidades como os vírus Nipah, Hendra, Filovirus, coronavírus do tipo SARS e possivelmente o coronavírus MERS (CALISHER et al., 2006; DOBSON, 2005). Isso levou alguns autores a proporem a hipótese que morcegos abrigam um número enorme de zoonoses emergentes se comparados a outros tipos de mamíferos (CALISHER et al., 2006; DOBSON, 2005; WANG et al., 2006). Compreender por que os morcegos abrigam tantos patógenos zoonóticos que causam doenças letais aos seres humanos e como esses patógenos passam do morcego para humanos é importante para estas e possivelmente outras doenças que surgirão. No que diz respeito aos morcegos Shereen et al. (2020) afirmam que análise genômica revelou que o SARS-CoV-2 esta filogeneticamente relacionado com vírus respiratórios agudos do tipo Síndrome Respiratória (SARS) e que os morcegos podem ser os possíveis reservatórios, confirmando o trabalho. Calisher et al., (2006) e Dobson (2005). Ainda segundo Shereen et al. (2020) a fonte intermediária de origem e transferência para humanos ainda não é conhecida. Os padrões de transmissão são apresentados na figura 2.

**Figura 2. Reservatórios e Hospedeiros de Coronavírus**



Fonte: Shereen et al. (2020), adaptação dos autores (2020).

A COVID-19, segundo Shereen et al. (2020) é uma infecção viral altamente transmissível e patogênica que surgiu em Wuhan/China e espalhou-se pelo mundo, causada pelo Coronavírus 2 da Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS-CoV-2).

A princípio, o vírus foi nomeado como Coronavírus Wuhan e Coronavírus (2019-nCov) pelos pesquisadores Chineses. O Internacional Comitê de Taxonomia de Vírus (ICTV) nomeou o vírus como SARS-Cov-2 e a doença como COVID-19. Ainda sobre a COVID-19, Shereen et al. (2020) afirmam que não existe antiviral de amplo espectro clinicamente aprovado ou vacina disponível para ser usado contra a COVID-19. Os autores afirmam que Wuhan experimentou um surto de COVID-19 que infectou mais de setenta mil indivíduos, matando mais de mil e oitocentos dentro dos cinquenta primeiros dias da epidemia.

No caso dos Coronavírus é importante conhecer a fonte de origem (reservatório primário) e sua transmissão (hospedeiros) para se desenvolver estratégias preventivas para conter a infecção. Segundo Shereen et al. (2020), no caso do SARS-CoV os pesquisadores focaram inicialmente nos cães-guaxinim e nos civets de palma (mamífero carnívoro do sul da Ásia) como reservatórios. Porém somente amostras isoladas do mercado de Civet testou positivo na detecção de RNA viral, sugerindo que esse animal possa ser hospedeiro secundário. Também foram encontrados morcegos *Rinolophus* possuindo anticorpos anti-SARS-CoV, sugerindo os morcegos como fonte de replicação viral (SHI e HU, 2008). Já o MERS que surgiu na Arábia Saudita em 2012 tem como fonte zoonótica ou hospedeiro primário camelos (PADEN et al. 2017). E ainda, em estudo recente o MERS foi detectado em morcegos *Pipistrellus* e *Perimyotis* (ANNAN et al. 2013). A definição dos morcegos como principais hospedeiros e transmissores do vírus está bem consolidada (HUYNH et al. 2012; LAU et al. 2013). Um grupo pesquisadores havia sugerido que as cobras pudessem ser hospedeiras do novo Coronavírus, porém similaridades genômicas com os vírus de morcegos do tipo SARS apoiou a afirmação que não cobras, apenas morcegos poderiam ser os principais reservatórios (Lu et al. 2019; Chan et al. 2020).

As ações antrópicas associadas ao comportamento humano contribuem muito para as emergências das doenças infecciosas. Na classe dos mamíferos destacam-se os morcegos que abrigam um enorme grupo de patógenos zoonóticos, muitos de alta letalidade e ainda desconhecidos.

## **5 Considerações finais**

Conclui-se ao analisar a propagação das viroses, que sua emergência ou reemergência está diretamente relacionada a fatores comportamentais humanos e às ações antrópicas, como pode ser observado nos resultados da pesquisa. Muitas vezes essas categorizações feitas a partir dos fatores ações antrópicas e comportamento humano se mesclam, como por exemplo nas consequências de explosão demográfica que implica migrações e pressão sobre ecossistemas anteriormente isolados.

Das doenças infecciosas que acometem o homem, a grande maioria são causadas por vírus, sendo os vírus de RNA os que se adaptam melhor ao hospedeiro humano, se comparados aos vírus de DNA.

Quanto às viroses e vetores, a maioria dos patógenos que causam as doenças infecciosas emergentes tem origens zoonóticas, e são mantidos na natureza em ciclo que envolve animais silvestres e vetores.

Os resultados dessa pesquisa corroboram a afirmação que a maioria dos vírus que infectam humanos são de reservatórios não humanos tais como mamíferos, aves e artrópodes, destacando entre os mamíferos os morcegos que abrigam patógenos de alta letalidade e muitos ainda desconhecidos, assim como os roedores e porcos. Já entre os artrópodes merece destaque os mosquitos *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus* vetores de algumas doenças. Dentre as aves pode-se destacar frangos e patos.

### **Referências**

ANNAN A. *et al.* Human Betacoronavirus 2c EMC/2012-related Viruses in Bats, Ghana and Europe. **Emerging Infectious Diseases** v19 n3, March 2013.

AUERBACH P, OSELAME GB, DUTRA DA Revisão histórica da gripe no mundo e a nova H7N9; **Revista de Medicina e Saúde de Brasília**. 2013; 2(3):183-97.

BERTUCCI LM, Gripe A, uma nova “Espanhola?”. **Revista da Associação Médica Brasileira** 2009; 55(3): 229-50.

BERTUCCI-MARTINS, “Conselhos ao Povo” Educação contra a Influenza de 1918. **Cad. Cedes**, Campinas, v. 23, n. 59, p. 103-117, abril 2003.

CALISHER CH, CHILDS JE, FIELD HE, HOLMES KV, SCHOUNTZ T. 2006 Bats: important reservoir hosts of emerging viruses. **Clin. Microbiol. Review**. 19, 531–545. (doi:10.1128/CMR.00017-06).

CAMELLO TCF, Dengue, Chikungunya e Ebola: Viroses Ambientais. **Sustinere Revista de Saúde e Educação**. v. 2, n. 2 (2014).

CDC (Centers for Disease Control and Prevention), 1999. Update: West-Nile viral encephalitis-New York, 1999. **MMWR**, 48:890.

CHAN J. *et al.* A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. **The Lancet** (British edition) 2020 v.:395 n.:10223 p.:514 -523.

CHASTEL C., Anthropocène et viroses emergentes. **Bulletin de la Société de Pathologie Exotique** (2016) 109:207-209.

CHUA K B *et al.* Nipah virus: a recently emergent deadly paramyxovirus. **Science** **288**, 2000 1432–1435. (doi:10.1126/science.288.5470.1432).

CLEAVELAND S, LAURESON M K, TAYLOR L H: Diseases of humans and their domestic mammals: pathogen characteristics, host range and the risk of emergence. **Phil Trans R Soc Lond B** 2011; 356: 991–999.

COSTA ALP, RODRIGUES NETO AO, SILVA Jr ACS, Conditioners of the infectious diseases dynamics; **Estação Científica** (UNIFAP) ISSN 2179-1902 Macapá, v. 8, n. 3, p. 09-23, Sept. /Dec. 2018.

DASZAK P, CUNNINGHAM A A, HYATT A D, Anthropogenic environmental change and the emergence of infectious diseases in wildlife. **Acta Tropica** 78 (2001) 103–116.

- DASZAK P, CUNNINGHAM A A, HYATT A D Emerging infectious diseases of wildlife - threats to biodiversity and human health. **Science** 287, 443–449, 2000 (doi:10.1126/science.287.5452.443).
- DOBSON AP. 2005 What links bats to emerging infectious diseases? **Science** 310, 628–629. (doi:10.1126/science.1120872).
- DOSHI P., The elusive definition of pandemic influenza. **Bulletin of World Health Organization** 2011; 89:532–538; doi:10.2471/BLT.11.086173.
- FARIA N, *et al.* The early spread and epidemic ignition of HIV-1 in human populations. **Science** Vol 346, Issue 6205 03 October 2014.
- FERREIRA MS, Hantavíruses. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical** 36(1):81-96, jan-fev, 2003.
- FAUCI A S, MORENS D M, The perpetual challenge of infectious diseases. **NEJM The New England Journal of medicine** 2012;366(5):454-61. DOI:10.1056/NEJMra1108296.
- GAO F *et al.* 1999 Origin of HIV-1 in the chimpanzee *Pan troglodytes*. **Nature** 397, 436–441. (doi:10.1038/17130).
- GARCIA A B, MACEDO J M B, **Biologia Molecular** v2. 3a ed. Fundação CECIERJ, Rio de Janeiro, 2013.
- GRASSLY, N.C.; FRASER, C. Seasonal infections disease epidemiology. **Proceedings of the Royal Society B**, v.272, p. 2541-2550, 2006.
- GRASSLY, N.C.; FRASER, C. Mathematical models of infectious diseases transmission, **Nature Reviews Microbiology**, v.6, p. 477-487, 2008.
- GRISOTTI M, Doenças infecciosas emergentes e a emergência das doenças: uma revisão conceitual e novas questões. **Ciência & Saúde Coletiva**. v15 s1 2010 pp. 1095-1104.
- GUAMÁN C *et al.*, Ecoepidemiology of Alphaviruses and Flaviviruses. Emerging and Reemerging Viral Pathogens (Chapter 6) DOI: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819400-3.00006-5>, Elsevier 2020.
- GUIMARÃES A.S., CARVALHO W.R.G. Desinformação, negacionismo e automedicação: a relação da população com as drogas “milagrosas” em meio à pandemia da COVID-19. **InterAm J Med Health** 2020;3:e202003053.
- HAHN B H., SHAW G.M., De COCK K., SHARP P.M., AIDS as a zoonosis: scientific and public health implications. **Science** 287, 2000 pp 607–614. (doi:10.1126/science.287.5453.607).
- HENKES W, BARCELLOS C, Ecologia da paisagem da hantavírose no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical** 37(6):505-507, nov-dez, 2004.
- HEYMANN D., Social, Behavioural and Environmental Factors and Their Impact on Infectious Disease Outbreaks. **Journal of Public Health Policy** (2005) 26, 133–139.doi:10.1057/palgrave.jph.3200004.
- HUYNH J. *et al.* Evidence Supporting a Zoonotic Origin of Human Coronavirus Strain. NL63. **Journal of Virology**. December 2012 Volume 86 Number 23.

JOLLEY D, DOUGLAS K.M The Effects of Anti-Vaccine Conspiracy Theories on Vaccination Intentions. **PLoS ONE** 9(2): e89177 (2014). doi:10.1371/journal.pone.0089177.

JONES K *et al.*, Global trends in emerging infectious diseases; **Nature** Vol 451 21 February 2008.

JHU - COVID-19 Dashboard by the Center for Systems Science and Engineering (CSSE) at Johns Hopkins University (JHU), acesso em 11/06/2020.

KELLY, H. The classical definition of a pandemic is not elusive. **Bulletin of World Health Organization** 2011; 89:539–540; doi:10.2471/BLT.11.089086.

LAST J.M. A dictionary of epidemiology. 2nd ed. Oxford: Oxford University Press, 1988.

LAU S. *et al.* Genetic Characterization of Betacoronavirus Lineage C Viruses in Bats Reveals Marked Sequence Divergence in the Spike Protein of Pipistrellus Bat Coronavirus HKU5 in Japanese Pipistrelle: Implications for the Origin of the Novel Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus. **Journal of Virology** p. 8638–8650 August 2013 Volume 87 Number 15.

LEDERBERG J., SHOPE R., OAKS Jr S. (editors) EMERGING INFECTIONS: Microbial Threats to Health in the United States. NATIONAL ACADEMY PRESS Washington, D.C. 1992.

LEWIS, D. Is the Coronavirus Airborne? Experts Can't Agree. **Nature**, Vol 580 9 April 2020.

LIBERATO MIM, **Microbiologia v2**. Fundação CECIERJ, Rio de Janeiro, 2013.

LIMA-CÂMARA, T.N., Arboviroses emergentes e novos desafios para a saúde pública no Brasil. **Revista de Saúde Pública** 2016;50:36.

LIPPINCOTT, WILLIAMS & WILKINS (editors) Stedman's medical dictionary. 28th ed. Philadelphia, 2006.

LU R. *et al.* Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. **The Lancet** (British edition) [2020 v.:395 n.:10224 p.:565 -574.

MORENS D., FOLKERS G.K., FAUCI A.S., (2008) Emerging infections: a perpetual challenge. **Lancet Infect Dis** 8: 710–719.

MORENS D., FOLKERS G.K., FAUCI A.S., (2009) What is a Pandemic ? **The Journal of Infectious Diseases**. V.200 i7, October, 2009.

MORENS D., FAUCI A. Emerging Infectious Diseases: Threats to Human Health and Global Stability. **PLOS Pathogens**. July 2013, Volume 9, Issue 7.

MORSE S., Factors in the Emergence of Infectious Diseases. **Emerging Infectious Diseases**, Vol. 1, No. 1 — January-March 1995.

MURRAY P., ROSENTHAL K., PFALLER M., **Microbiologia Médica**. Elsevier, 8ª edição, 2017.

NORRIS D. Mosquito-borne Diseases as a Consequence of Land Use Change. **EcoHealth** 1, 19–24, 2004 DOI: 10.1007/s10393-004-0008-7.



OLPINSKI M, Anti-Vaccination Movement and Parental Refusals of Immunization of Children in USA. **Pedriatria Polska** 87 (2012).

OXFORD Dictionary of Difficult Words. Hobson A. (editor) **Oxford University Press**, 2001.

PEPIN J. The origins of AIDS: from patient zero to ground zero. **Journal of Epidemiology & Community Health** June 2013 Vol 67 No 6.

PLOWRIGHT, RK *et al.* Ecological dynamics of emerging bat virus spillover. **Proceedings of the Royal Society B** 282: 20142124 (2015). <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2014.2124>.

QIU W, RUTHERFORD S, MAO A, CHU C, The Pandemic and its Impacts. **Health, Culture and Society**. Vol 9–10 (2016–2017).

SCHATZMAYR HG, Viroses emergentes e reemergentes. **Cadernos de Saúde Pública**, Rio de Janeiro, 17 (Suplemento):209-213, 2001.

SCHOLTISSEK C., NAYLOR E., Fish farming and influenza pandemics. **Nature** v.331 January, 1988.

SHEREEN M., KAHN S., KAZMI A., BASHIR N., SIDDIQUE R., COVID-19 infection: Origin, transmission, and characteristics of human coronaviruses. **Journal of Advanced Research** 24 (2020) 91–98.

SMITH, KM *et al.*, Zoonotic Viruses Associated with Illegally Imported Wildlife Products. **PLoS ONE**, January 2012 | Volume 7 | Issue 1 | e29505.

TSETSARKIN K A, VANLANDINGHAM D L, MCGEE C E, HIGGS S: A single mutation in chikungunya virus affects vector specificity and epidemic potential. **PLoS Pathog** 2007.

TSETSARKIN K A, WEAVER S C: Sequential adaptive mutations enhance efficient vector switching by chikungunya virus and its epidemic emergence. **PLoS Pathog** 2011.

UNAIDS. Joint United Nations Programme on HIV/AIDS. Global HIV & AIDS statistics—2021 fact sheet. Disponível em: <https://www.unaids.org/en/resources/fact-sheet>. Acesso em 25 de agosto de 2021

WANG L-F, SHI Z, ZHANG S, FIELD H, DASZAK P, EATON BT. 2006 A review of bats and SARS: virus origin and genetic diversity. **Emerging Infectious Diseases**. 12, 1834–1840. (doi:10.3201/eid1212.060401).

WEBSTER R G, BEAN W J, GORMAN O T, CHAMBERS T M, KAWAOKA Y. Evolution and ecology of influenza A viruses. **Microbiological Reviews**.1992;56:152-79.

WILEY ON LINE LIBRARY. **The Dictionary of Genomics, Transcriptomics and Proteomics**. Disponível em <<https://onlinelibrary.wiley-com.ez135.periodicos.capes.gov.br/search/advanced>>, Acesso em 30/05/2020.

WILSON M., LEVINS R., SPIELMAN A. (eds). Disease in Evolution: Global Changes and Emergence of Infectious Diseases. New York, **New York Academy of Sciences, Annals** Volume 740 (1994) 503 PP.

World Health Organization (2005). “Influenza preparedness plan: the role of WHO and recommendations for national measures before and during pandemics”. Geneva: World Health Organization, Department of Communicable Disease, Surveillance and Response, Global Influenza Program.

World Health Organisation (2014). "PED (Pandemic & Epidemic Diseases)." Retrieved 10/04/2020, from [http://www.who.int/csr/disease/WHO\\_PED\\_flyer\\_2014.PDF?ua=1](http://www.who.int/csr/disease/WHO_PED_flyer_2014.PDF?ua=1).

YINKA-OGUNLEYE *et al.*, Reemergence of Human Monkeypox in Nigeria, 2017  
**Emerging Infectious Diseases** • [www.cdc.gov/eid](http://www.cdc.gov/eid) • Vol. 24, No. 6, June 2018