



## VULNERABILIDADE DAS REGIÕES DE NOTIFICAÇÃO POR ORTHOHANTAVÍRUS NO BRASIL

**FERNANDO DA SILVA MOREIRA<sup>1</sup>; MIRIAM REYES ORTIZ<sup>2</sup>; RODRIGO  
FERREIRA KRÜGER<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>*Universidade Federal de Pelotas – fernando.ppgmparufpel@gmail.com*

<sup>2</sup>*Universidade Estadual de Campinas – arborizapaisagismo@gmail.com*

<sup>3</sup> *Universidade Federal de Pelotas – anurofauna@gmail.com*

### 1. INTRODUÇÃO

Hantavírus (gênero Orthohantavirus) são vírus envelopados, sentido negativo, RNA de fita simples pertencentes à família Hantaviridae e ordem Bunyavirales (Abudurexiti et al., 2019). O genoma do Orthohantavirus consiste em segmentos tripartidos de RNA (grande, médio e pequeno) que codifica um RNA dependente de RNA polimerase (RdRp), duas glicoproteínas de superfície (Gn e Gc) e um proteína do nucleocapsídeo (N) (Vaheri et al., 2013). Hantavírus são patógenos zoonóticos emergentes abrigados por hospedeiros de pequenos mamíferos como roedores, morcegos, toupeiras e musaranhos (Witkowski et al., 2016).

Os Orthohantavirus são considerados como roboviroses, vírus transmitidos por roedores. As espécies de roedores-reservatório de hantavírus são incluídas em duas famílias: a Muridae, subfamília Murinae (ratos e camundongos), que habita o Velho Mundo e Novo Mundo; e a Cricetidae, dividida nas subfamílias Arvicolinae (ratazanas e lêmungues, encontrados na Eurásia e América do Norte), Neotominae e Sigmodontinae do Novo Mundo (Oliveira et al., 2014a). Entretanto, hantavírus também têm sido descritos em hospedeiros não-roedores, como insetívoros e morcegos (Sumibcay et al., 2012, Sundström, 2013, Gu et al., 2014, Sabino-Santos Jr. et al., 2015). Nos últimos anos, alguns estudos apontam o potencial de morcegos como reservatórios de hantavírus.

Na América do Sul hantavírus são zoonoses até então atribuídas a roedores da subfamília Sigmodontinae. Porém, nos últimos anos existem relatos sobre presença de anticorpos de hantavírus em morcegos (Sabino-Santos et al., 2015), e de detecção parcial do genoma viral em morcegos e marsupiais (Araujo et al., 2012). No Brasil, são 8 genótipos de Orthohantavirus conhecidos até o momento, sendo seis deles associados a doença humana: Anajatuba (ANAJV), Araraquara (ARQV), Castelo dos Sonhos (CASV), Juquitiba (JUQV), Laguna Negra (LNV) e Rio Mamoré (RIOMV). O ARQV ocorre nas regiões de Cerrado do sudeste e do planalto central brasileiro e é considerado o mais virulento dos hantavírus do Brasil e possivelmente do mundo, por causar letalidade em 50% nos pacientes com síndrome pulmonar e cardiovascular por hantavírus. (Rosa et al., 2010, Raboni et al., 2009, Oliveira et al., 2014). Desta forma, o Brasil está distribuído segundo IBGE em cinco regiões de notificação são elas: região Sul, região Centro-Oeste, região Sudeste, região Norte e região Nordeste.

### 2. METODOLOGIA

A área de estudo abordada neste estudo comprehende todo o território brasileiro. Os dados de casos oficialmente confirmados de hantavirose dentro do

Brasil foram obtidos de maneira *online* através dos bancos de dados disponibilizados pelo Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN) site (<http://www.portalsinan.saude.gov.br/dados-epidemiologicos-sinan>). O período de obtenção dos dados se deu conforme disponibilidade da plataforma do Ministério da Saúde entre 2001 a 2017.

A variável de interesse, objeto de estudo deste trabalho incluida nas buscas do banco de dados foi denominada de Região de notificação.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram notificados ao longo de 17 anos um total de 2.024 casos de hantavirose no Brasil (Figura 1), disponibilizados na forma de tabelas de dados (Excel.CSV) entre 2001 - 2017.

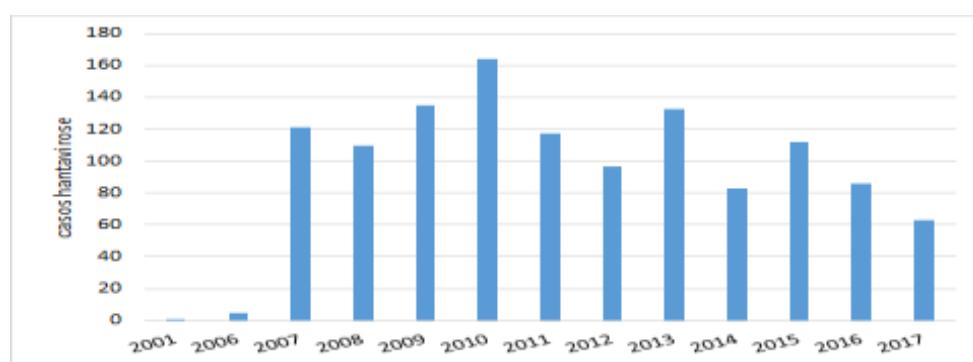


Figura 1. Casos de hantavirose confirmados por ano no Brasil

Fonte: DATA-SUS

Atribui-se que a emergência da hantavirose no Brasil, observada em mais de duas décadas, se deva principalmente à intensa degradação ambiental associada à atividade agrícola e ao crescimento urbano. Isso tem ocorrido, principalmente, com o cultivo de monoculturas de vegetações exóticas, tais como o capim braquiária (*Brachiaria decumbens*) e a cana de açúcar (*Saccharum officinarum*). A degradação ambiental estaria afugentando animais de seu ambiente natural, como ocorre com algumas espécies de roedores e morcegos, bem como com os seus predadores. Por outro lado, alguns autores sugerem que a degradação ambiental estaria incentivando o aumento populacional de algumas espécies de pequenos mamíferos selvagens oportunistas.

De acordo com IBGE (2018), constam no território brasileiro 5.568 municípios mais um distrito federal (Brasília) e um distrito estadual em Pernambuco (Fernando de Noronha). Deste total, segundo os dados foram identificados 535 municípios brasileiros que já confirmaram Orthohantavírus em seus territórios. Com isso, todas as regiões de notificação do Brasil já registraram a presença de hantavirose em seus limites. Porém cabe destacar que há diferenças significativas quando comparadas entre si (Figura 2).

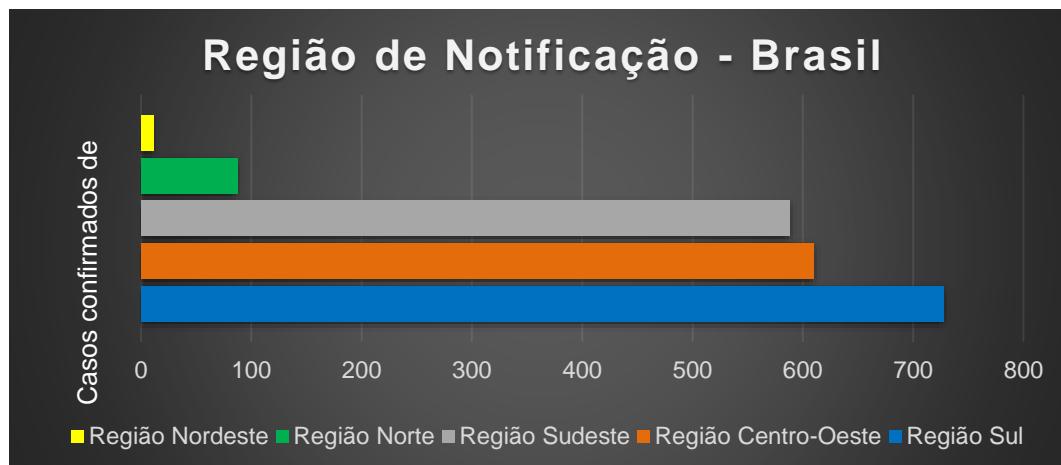


Figura 2. Número de casos confirmados de hantavírus por região de notificação de 2001-2017.  
Fonte: DATA-SUS

De acordo com os dados do Ministério da Saúde de 2001 a 2017 a região Sul é a que apresenta maior vulnerabilidade de notificação para Orthohantavírus sendo registrados um total de 728 casos confirmados, seguida da região Centro-Oeste com 610 casos confirmados, região Sudeste com 588 casos confirmados, região Norte 87 casos e região Nordeste com apenas 11 casos confirmados. Todas as informações obtidas são públicas e estão disponíveis para acesso através do Sistema de Vigilância Epidemiológica do Ministério da Saúde do Brasil.

#### 4. CONCLUSÕES

As doenças induzidas por Orthohantavirus representam uma ameaça à saúde pública em todo o mundo devido a taxas elevadas de morbidade e mortalidade. Medidas de vigilância sanitária ativa em regiões de notificação com maior vulnerabilidade para doença, ou seja, identificadas com presença de Orthohantavírus são fundamentais para ações de controle e desenvolvimento de estratégias eficazes na prevenção contra surtos emergentes de hantavirose no território Brasileiro. Uma análise mais robusta através do uso de modelos de nicho ecológico podem auxiliar os pesquisadores para uma resposta oportuna aos surtos de Orthohantavirus em regiões do Brasil.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABUDUREXITI, A., ADKINS, S., ALIOTO, D., ALKHOVSKY, S. V., AVSIC-ZUPANC, T., BALLINGER, M. J., et al. (2019). Taxonomy of the order Bunyavirales: update 2019. *Arch. Viro.*

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Áreas Territoriais: IBGE Cidades. Brasília, 2018.

OLIVEIRA RC, CORDEIRO-SANTOS M, GUTERRES A, FERNANDES J, MELO AX, GUILHERME A.P. JOÃO GAP et al., (2014). Rio Mamoré Virus and Hantavirus Pulmonary Syndrome, Brazil. *Emerg Infect Dis.*

SABINO-SANTOS JR G, (2010). Detecção de hantavírus em roedores silvestres e estudo de sua dinâmica populacional na região nordeste do estado de São Paulo. **Dissertação de Mestrado.** São Paulo: Univ. de São Paulo.



SUMIBCAY L, KADJO B, GU SH, et al., (2012). Divergent lineage of a novel hantavirus in the banana pipistrelle (*Neoromicia nanus*) in Côte d'Ivoire. **Virol J.**

SUNDSTRÖM K, (2013). Of voles and men: novel hantavirus in vitro models. **Tese de Doutorado.** Hillarpssalen: Karolinska Institutet.

SUZÁN G, MARCE E, GIERMAKOWSKI T, et al., (2009). Experimental evidence for reduced rodent diversity causing increased hantavirus prevalence. **PLoS One.**

VAHERI, A., STRANDIN, T., HEPOJOKI, J., SIRONEN, T., HENTTONEN, H., MAKELA, S., et al. (2013). Uncovering the mysteries of hantavirus infections. **Nat. Rev. Microbiol.** 11 (8).

WITKOWSKI, P. T., DREXLER, J. F., KALLIES, R., LICKOVA, M., BOKOROVA, S., MAGANGA, G. D., et al. (2016). Phylogenetic analysis of a newfound bat-borne hantavirus supports a laurasiatherian host association for ancestral mammalian hantaviruses. **Infect. Genet. Evol.**