

HANTAVIROSE POR ÁREA DE INFECÇÃO EM REGIÕES DO BRASIL DE 2007-2020

**FERNANDO DA SILVA MOREIRA¹; GRATCHELA DUTRA
RODRIGUES²; RODRIGO FERREIRA KRÜGER³**

¹*Universidade Federal de Pelotas 1 – fernando.ppgmpar@gmail.com*

²*Universidade Federal de Pelotas 2 – arborizapaisagismo@gmail.com*

³ *Universidade Federal de Pelotas – anurofauna@gmail.com*

1. INTRODUÇÃO

A mudança no uso da terra pode influenciar a disseminação e distribuição de doenças infecciosas, especialmente as zoonóticas emergentes, como a hantavirose, causada por um conjunto quase globalmente distribuído de genótipos *Orthohantavírus* (família Hantaviridae). Responsáveis pela síndrome cardiopulmonar por hantavírus (HCPS) nas Américas e pela febre hemorrágica com síndrome renal (HFRS) na Ásia e na Europa. No Brasil, a hantavirose é considerada um problema de saúde pública devido às altas taxas de mortalidade.

Hantavírus (gênero *Orthohantavírus*) são vírus envelopados, sentido negativo, RNA de fita simples pertencentes à família Hantaviridae e ordem Bunyavirales (ABUDUREXITI et al., 2019). O genoma do hantavírus 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). O primeiro surto ocorreu durante a Guerra da Coreia (1950 a 1953), onde mais de 3.000 tropas das Nações Unidas ficaram doentes com insuficiência renal, hemorragia e choque, foi chamada de febre hemorrágica coreana, que é comumente referida como febre hemorrágica com síndrome renal (HFRS). Hantavírus são patógenos zoonóticos emergentes abrigados por hospedeiros de pequenos mamíferos como roedores, morcegos, toupeiras e musaranhos (GUO, et al., 2013; HOLMES; ZHANG, 2015; WITKOWSKI et al., 2016; KIM, et al., 2021). A última proposta taxonômica lista 53 espécies de hantavírus (WALKER et al., 2021).

Nas Américas essa zoonose estava até pouco tempo atribuída somente a roedores da subfamília Sigmodontinae. Entretanto, hantavírus também têm sido descritos em hospedeiros não-roedores, como insetívoros e morcegos (SUMIBCAY et al., 2012, SUNDSTRÖM, 2013, GU et al., 2014). Nos últimos anos, alguns estudos apontam o potencial de morcegos como reservatórios de hantavírus.

2. METODOLOGIA

A área de estudo abordada nesta pesquisa comprehende todo o território brasileiro. Sendo assim, os Estados com casos de hantavirose confirmados foram divididos em regiões do país com por exemplo: Região Norte (Amazonas, Pará e Rondônia), Região Nordeste (Maranhão), Região Centro-Oeste (Brasília, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás), Região Sudeste (São Paulo, Minas Gerais e Rio de Janeiro) e Região Sul (Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul).

Os registros de casos oficialmente confirmados de hantavirose no Brasil foram obtidos de maneira *online* através dos bancos de dados disponibilizados pelo

Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN) pelo site (<http://www.portalsinan.saude.gov.br/dados-epidemiologicos-sinan>). Para este estudo, o período de recorte dos casos confirmados de hantavirose por área de infecção em regiões de notificação pelo Ministério da Saúde foi entre 2007 à 2020.

A variável de interesse, objeto deste trabalho incluida nas buscas do banco de dados foi denominada de “área de infecção”. Essas áreas de infecção (onde se deu o contato com o vírus) estão distribuídas em Urbana, Rural, Peri-urbana e Silvestre. Aqui cabe destacar que alguns casos de hantavirose confirmados não apresentavam nenhum registro dessas áreas de infecção, muito provavelmente pela incerteza da área de infecção ou pela falta de preenchimento da ficha pelo profissional de saúde responsável pela coleta de dados, nestes casos estes registros foram classificados como “Ign/Branco”.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram notificados ao longo de 14 anos (2007-2020) um total de 1.368 casos confirmados de hantavirose no Brasil (Figura 1), disponibilizados na forma de tabelas de dados (Excel.CSV) entre 2007 - 2020.

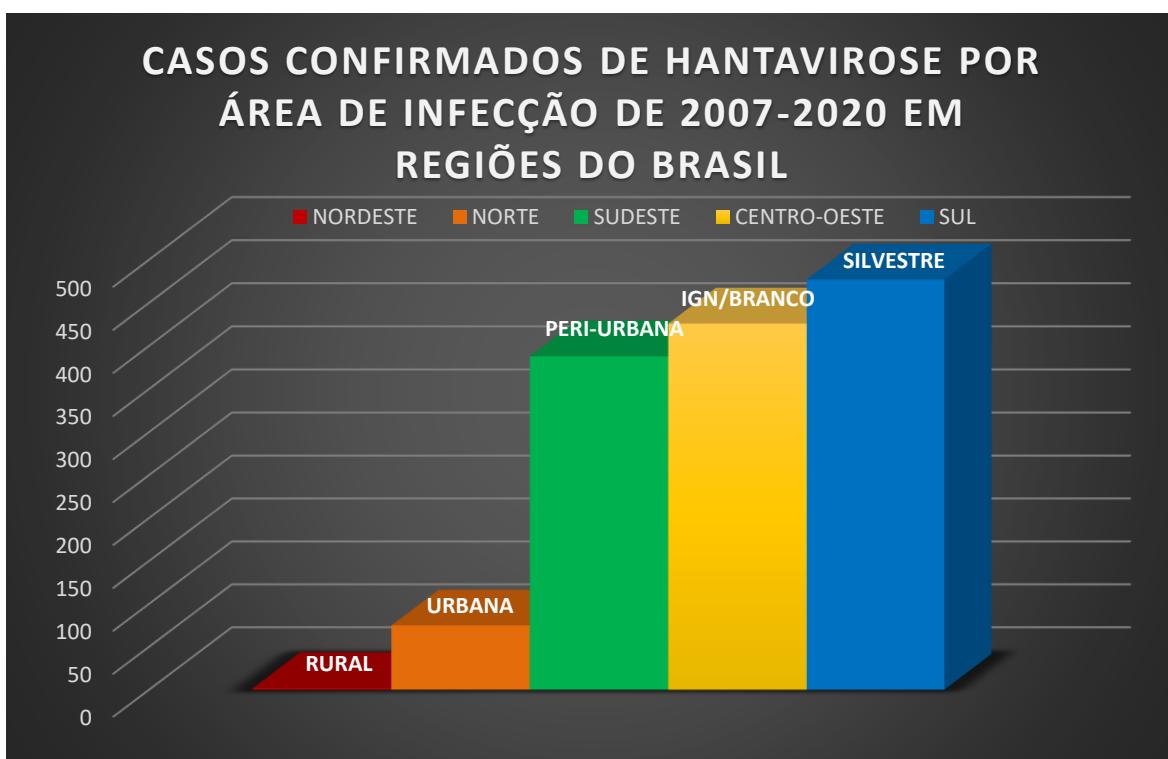


Figura 1 – Gráfico do número de casos de Hantavirose distribuídos por Regiões do Brasil e as áreas de onde ocorreram as infecções. Os dados foram coletados durante o período de 2007 à 2020. Fonte: Ministério da Saúde - Sistema de Informação de Agravos de Notificação - Sinan Net.

A representação das áreas de infecção e as regiões do Brasil neste período estudado podem ser bem compreendidas, pois os dados são expressivos. A infecção na Região Sul (Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul) foi a maior registrada (477 casos), sendo todos os casos registrados exclusivamente no ambiente Silvestre. Já os dados de infecção da Região Sudeste (Minas Gerais, Rio de Janeiro e São Paulo) diagnosticaram um total de 388 casos, sendo todos os casos de infecção registrados no ambiente Peri-urbano. Ainda neste sentido, os



dados de infecção da Região Norte (Rondônia, Amazônas e Pará), informaram um total de 75 casos, sendo estes todos ocorridos no ambiente Urbano. A região Nordeste (com registros apenas no Estado do Maranhão) foi a que apresentou o menor número de casos de hantavirose no período estudado (2 casos). Cabe destacar que a Região Centro-Oeste (Mato Grosso do Sul, Goiás, Brasília e Mato Grosso) embora tenha informado um total de 426 casos, nenhum deles haviam registros do local de infecção, sendo os dados considerados pelo Ministério da Saúde com Ign/Branco, isso acontece quando a ficha do paciente não é preenchida corretamente ou o paciente não tem certeza do local de infecção.

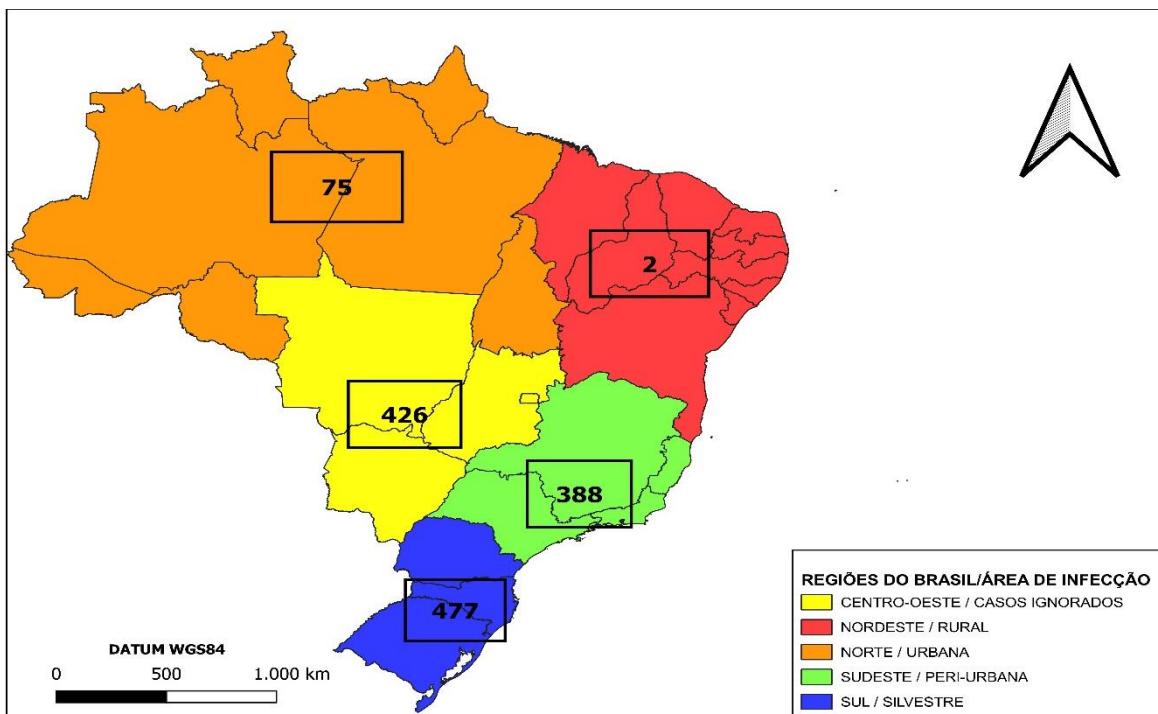


Figura 2 – Mapa do número de casos de Hantavirose distribuídos por Regiões do Brasil e as áreas de onde ocorreram as infecções. Os dados foram coletados durante o período de 2007 à 2020. Fonte: Ministério da Saúde/SVS - Sistema de Informação de Agravos de Notificação - Sinan Net.

4. CONCLUSÕES

As doenças induzidas por Ortohantavirus representam uma ameaça à saúde pública em todo o mundo devido a taxas elevadas de mortalidade 46,5%. Conhecer as áreas de infecção de hantavirose e seus respectivos reservatórios são informações fundamentais para montar repostas eficazes para prevenção e combate a doença. Na região Sul do Brasil, onde o número de casos é o maior quando comparado a outras regiões, a presença da espécie de roedor reservatório conhecida como *Oligoryzomys nigripes* está associada pela transmissão da doença. Enquanto na Região Sudeste do país a transmissão está associada a espécie de roedor conhecida como *Necromys lasiurus*. Nas demais regiões do país, há além dos roedores citados outros reservatórios de hantavirose que podem fazer a transmissão. Conhecer as espécies fontes de transmissão, suas distribuições geográficas e seus respectivos nichos ecológicos são ações fundamentais para nortear novas pesquisas. Todas as informações obtidas são públicas e estão disponíveis para acesso através do Sistema de Vigilância Epidemiológica do Ministério da Saúde do Brasil.



5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

OSWALDO CRUZ. BRASIL, MINISTÉRIO DA SAÚDE. BANCO DE DADOS DO SISTEMA ÚNICO DE SAÚDE - DATASUS. INFORMAÇÕES DE SAÚDE, SISTEMA DE INFORMAÇÕES SOBRE MORTALIDADE. Disponível em <https://datasus.saude.gov.br/transferencia-de-arquivos/#> [Acessado em 14 de maio de 2022].

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

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

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.*