

A Leishmaniose Visceral no Rio Grande do Sul: Diversidade e Distribuição de Vetores

NAIARA GALAFASSI¹; CAMILO ANDRÉS CUÉLLAR ROMERO²; RODRIGO FERREIRA KRÜGER³

¹Universidade Federal de Pelotas – naiaragalafassi.bio@gmail.com

²Universidade Federal de Pelotas – cuellar.candres@outlook.es

³Universidade Federal de Pelotas – rfkruger@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

As leishmanioses constituem um conjunto de doenças tropicais negligenciadas, causadas por protozoários do gênero *Leishmania*, e são um relevante problema de saúde pública em diversos países, especialmente em regiões tropicais e subtropicais. Clinicamente, são classificadas em três formas principais: visceral, cutânea e mucocutânea. A forma visceral, mais grave, caracteriza-se por febre irregular, perda de peso progressiva, hepatoesplenomegalia e anemia severa, podendo evoluir para óbito na maior parte dos casos não tratados (PAHO, 2020).

A transmissão da doença ocorre por meio da picada de fêmeas de flebotomíneos (Diptera: Psychodidae: Phlebotominae), principalmente *Lutzomyia longipalpis*, popularmente conhecidos como mosquitos-palha ou *sandflies*. Esses vetores apresentam ampla distribuição geográfica e, embora sejam mais frequentes em ambientes florestais, a crescente urbanização tem favorecido sua adaptação ao ambiente domiciliar, onde representam risco tanto para humanos quanto para animais domésticos (MARCONDES, 2011). Os cães são reconhecidos como os principais reservatórios do protozoário e com frequência são assintomáticos, tornando o controle da doença em animais e humanos desafiador, devido a relação próxima entre ambos (VILAS-BOAS *et al.*, 2018).

O Brasil concentra a maior parte dos casos de leishmaniose visceral (LV) na América Latina, sendo as regiões Norte e Nordeste as mais afetadas (LOPEZ, 2021; BRASIL, 2024). O Rio Grande do Sul era considerado indene para a doença até o ano de 2008, quando o primeiro caso de LV canina autóctone foi registrado no município de São Borja (BRASIL, 2015). Casos de LV humana foram notificados no ano seguinte, espalhando-se também em outros municípios (DATASUS, 2025).

Nesse sentido, o presente trabalho visou reunir os dados de ocorrência dos flebotomíneos vetores do agente etiológico causador da doença no Rio Grande do Sul e mapeá-los para observar o avanço de sua distribuição no estado, e sua relação com os casos autóctones da doença em humanos registrados na região.

2. METODOLOGIA

Foi realizada uma revisão bibliográfica, utilizando o *Google Scholar*, com o objetivo de identificar registros de ocorrência de flebotomíneos vetores de leishmaniose no estado do Rio Grande do Sul. Foram selecionados artigos científicos e boletins epidemiológicos que realizaram coletas entomológicas e informaram os municípios de ocorrência das espécies, com ênfase em *Lutzomyia longipalpis*.

As informações extraídas foram organizadas em uma planilha com coordenadas geográficas, nome da espécie e ano de coleta, utilizados para elaborar mapas da distribuição dos vetores por décadas.

Os dados de LV humana foram extraídos do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN) através do Tabnet (DATASUS), considerando apenas casos autóctones e identificados por ano e município de notificação.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram obtidos 77 registros de ocorrência de flebotomíneos no estado, sendo 8 deles naturalmente infectados com *Leishmania* sp., em 15 municípios. Os pontos nos mapas abaixo (Figura 1) representam áreas de ocorrência dos vetores desde o ano de 1986 até 2025.

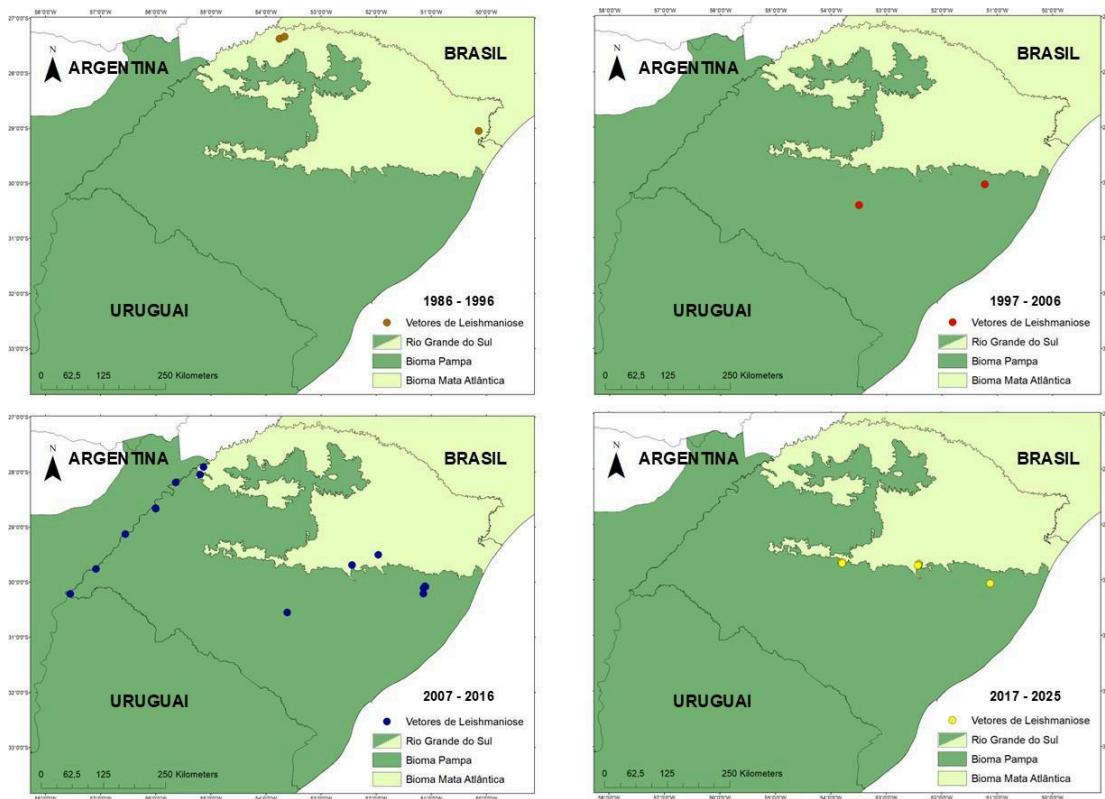


Figura 1. Mapas de Distribuição de Flebotomíneos no Estado do Rio Grande do Sul de 1986-2025.

A maior parte dos registros se concentrou no bioma Pampa, principalmente na região da fronteira, em municípios como Uruguaiana, Itaqui e São Borja, e também na capital Porto Alegre, que tiveram notificações de Leishmaniose Visceral Humana durante o mesmo período (BRASIL, 2025). A movimentação de pessoas e animais pela fronteira, a presença de *Lu. longipalpis* em Salto e Bella Unión, no Uruguai, e na província de Corrientes, Argentina, podem explicar o risco potencial de transmissão na região, como já apontado em SALOMÓN *et al.* (2011).

4. CONCLUSÕES

Os resultados mostram uma relação entre a presença dos vetores e a notificação de casos autóctones de Leishmaniose Visceral no Rio Grande do Sul, e também demonstram um avanço temporal para a interiorização da doença no Pampa brasileiro. Os dados reunidos e o mapeamento dessas ocorrências contribuem para ações de vigilância epidemiológica, permitindo priorizar áreas de monitoramento. Além disso, podem servir de base para estudos com modelagem de nicho ecológico, que contribuem para prever áreas suscetíveis à introdução ou expansão da doença e dos vetores no futuro, frente às mudanças climáticas.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BRASIL. Ministério da Saúde. **Saúde lança painéis para monitorar leishmanioses no Brasil.** Brasília, 2024. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/noticias/2024/setembro/saude-lanca-painéis-para-monitorar-leishmanioses-no-brasil>. Acesso em: 8 ago. 2025.

BRASIL. Secretaria Municipal de Saúde de Porto Alegre. Equipe de Vigilância das Doenças Transmissíveis. **Boletim Epidemiológico n. 59.** 2015.

BRASIL. Ministério da Saúde. DATASUS. SINAN. **Tabnet.** Brasília, 2025. Disponível em: <https://datasus.saude.gov.br/informacoes-de-saude-tabnet/>. Acesso em: 5 ago. 2025.

LOPEZ, Luis Fernando Baldino *et al.* **Epidemiologia da Leishmaniose Visceral no Município de Três Lagoas - Mato Grosso Do Sul, Uma Nova Região Endêmica no Brasil.** The Brazilian Journal of Infectious Diseases, v. 25, p. 101213, 2021.

PAN AMERICAN HEALTH ORGANIZATION (PAHO). **Leishmaniasis.** 2020. Disponível em: <https://www.paho.org/en/topics/leishmaniasis>. Acesso em: 19 jul. 2025.

SALOMÓN, Oscar Daniel *et al.* **Lutzomyia longipalpis in Uruguay: the first report and the potential of visceral leishmaniasis transmission.** Memórias do Instituto Oswaldo Cruz, v. 106, p. 381-382, 2011.

VILAS-BOAS, Diego Fernandes *et al.* **Global distribution of canine visceral leishmaniasis and the role of the dog in the epidemiology of the disease.** Pathogens, v. 13, n. 6, p. 455, 2024.