

## EDITORIAL

### **SARS-COV-2, o novo Coronavírus: uma reflexão sobre a Saúde Única (*One Health*) e a importância da medicina de viagem na emergência de novos patógenos**

*SARS-COV-2, the new coronavirus: a reflection about “One Health” and the importance of travel medicine when new pathogens emerge*

**Tânia S S Chaves<sup>1</sup>, Nancy Bellei<sup>2</sup>**

Um surto de pneumonia de causa desconhecida foi relatado pelas autoridades de saúde na cidade de Wuhan, província de Hubei, na China, em dezembro de 2019. Entre os casos estavam comerciantes e frequentadores de um mercado atacadista de frutos do mar, animais selvagens vivos e mortos. Há evidências de que estes indivíduos tinham contato direto, com fluidos e vísceras desses animais<sup>1</sup>.

Os resultados da investigação laboratorial das amostras de lavado bronquioalveolar dos casos de pneumonia de causa desconhecida, identificaram um novo coronavírus como responsável pelo surto, conhecido provisoriamente como 2019-nCoV. Os coronavírus (CoVs) pertencem à subfamília *Coronavirinae* na família *Coronaviridae* da ordem Nidovirales, e esta subfamília inclui quatro gêneros: alfacoronavírus, betacoronavírus, gamacoronavírus, e deltacoronavírus<sup>2</sup>.

Os COVs podem ser encontrados em vários hospedeiros, mas são os morcegos os principais reservatórios desses vírus. Outros animais como aves, mamíferos, incluindo camelos, civetas de palma (gatos selvagens asiáticos), ratos, cães, gatos, cobras também podem ser reservatórios dos COVs. Por exemplo, um HKU2-coronavírus foi responsável por síndrome diarreica aguda fatal em porcos em 2018 e está relacionado com morcegos<sup>2</sup>.

Após a identificação e sequenciamento genético do vírus, os pesquisadores chineses envolvidos na investigação compartilharam a sequência genética viral com a comunidade científica internacional no início de janeiro de 2020. Esta medida foi primordial para contribuir e facilitar a produção de testes diagnósticos de biologia molecular para detecção do novo coronavírus em diferentes países<sup>1</sup>.

Novos coronavírus de mamíferos agora são regularmente identificados, e o Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus (ICTV), autoridade global na designação e nomeação de vírus, nomeou o novo

1. Médica infectologista. Pesquisadora em Saúde Pública/Instituto Evandro Chagas/SVS/MS. Docente da FAMED/UFPA. Docente do curso de medicina do Centro Universitário do Pará (CESUPA). ORCID id: <https://orcid.org/0000-0001-5203-3128>. Researcher ID: K-6770-2016. Email: [tania.chaves@uol.com.br](mailto:tania.chaves@uol.com.br).
2. Professora afiliada do Departamento de Medicina da UNIFESP. Orcid iD: <https://orcid.org/0000-0001-6080-5693>. Email: [nbellei@uol.com.br](mailto:nbellei@uol.com.br).

coronavírus como, coronavírus 2, o SARS-COV-2. A doença causada pelo SARS-COV-2 passa a ser denominada pela Organização Mundial de Saúde, como COVID-19, doença infecciosa pelo coronavírus<sup>3</sup>.

Pela terceira vez, em menos de duas décadas as autoridades mundiais de saúde enfrentam em tempo real uma nova epidemia de elevada transmissibilidade, causada por um coronavírus em que ainda existem lacunas sobre a total compreensão das vias de transmissão deste novo SARS-COV-2. A primeira epidemia foi a síndrome respiratória aguda grave (SARS) em 2002-2003, causada pelo SARS-COV, um betacoronavírus que emergiu na província de Guangdong, na China, que foi responsável por 8 mil casos, com 774 óbitos em 29 países<sup>1</sup>.

A segunda epidemia teve início em 2012, causada pelo coronavírus da síndrome respiratória aguda grave do Oriente Médio (MERS-CoV), confinada na península arábica, responsável por 2494 casos com 858 óbitos. A Coreia do Sul registrou a ocorrência do MERS-COV e neste surto foram registrados 38 mortes<sup>1</sup>. Tanto o SARS-COV quanto o MERS-COV, têm sido associados a eventos de transmissão hospitalar, e em determinadas situações dependendo do ambiente hospitalar, da superpopulação, da expressão clínica dos doentes (fase mais grave - elevada carga viral) foram observados fenômenos de super disseminadores da doença, de tal forma que a partir de um único caso se observou inúmeros outros casos de infecção por estes vírus<sup>4</sup>.

O genoma do CoV é envelopado, constituído por uma fita simples de RNA, que apresenta espículas na sua superfície que infectam uma grande variedade de animais e humanos<sup>1</sup>. Os coronavírus, assim como os vírus influenza, circulam na natureza em várias espécies animais. A frequência de eventos de transmissão de patógenos de animais para humanos tem tido um aumento nas últimas décadas, reconhecidamente denominada de zoonoses<sup>5</sup>.

Os principais motivos para estes eventos incluem a grande interface entre humanos e animais selvagens, além do consumo desses animais para alimentação do homem<sup>6</sup>. A cultura alimentar chinesa sustenta que os animais vivos abatidos são mais nutritivos, e a prática desta crença pode contribuir para a transmissão de patógenos, como os vírus<sup>7</sup>. As zoonoses marcaram e moldaram a vida dos seres humanos durante séculos, mas ainda é um fenômeno pouco compreendido<sup>5,6,8</sup>.

Os fatores e condições que contribuem para emergência e disseminação geográfica das zoonoses são complexos, e podem estar relacionados a um único evento, ou cadeia de várias etapas que pode ser influenciada pela evolução genética do patógeno, mudanças climáticas e do meio ambiente, características antropológicas, demográficas, movimento e comportamento de pessoas, animais e vetores. As principais ameaças à saúde humana vieram de vírus animais que infectaram humanos<sup>5,6,8</sup>.

Os vírus RNA representam a maioria dos vírus presentes na natureza, no mundo vegetal, animal e na espécie humana. Eventualmente alguns vírus que circulam em reservatórios animais podem romper a barreira da espécie e infectar seres humanos. Isto ocorre porque muitos destes vírus sofrem mutações, por vezes incorporadas ao seu genoma o que sob perspectiva evolutiva permite adaptações que determinam a possibilidade de transmissão inter-humana, evento já visto com outros vírus, como o vírus da imunodeficiência humana (HIV), o vírus Ebola e certos coronavírus, como o SARS-COV-2, responsável pela atual epidemia na China<sup>5,6,8</sup>.

Este fenômeno é observado para vários vírus RNA, que são propensos a mutações e que apresentam capacidade de se adaptar a um novo hospedeiro<sup>1</sup>. A transmissão interhumana eficiente é um requisito para que ocorra a disseminação do vírus em larga escala. Quando novos vírus infectam humanos pela primeira vez, normalmente não existe tratamento específico ou vacina; portanto, as primeiras gerações de disseminação podem ser devastadoras, dramáticas e letais, como observado com o vírus influenza da gripe espanhola, HIV e Ebola<sup>6,8</sup>.

As autoridades sanitárias chinesas tornaram público o surto, e instituíram medidas em saúde pública, incluindo vigilância epidemiológica intensiva com investigações clínicas que culminaram com fechamento do mercado de Huanan, na cidade de Wuhan para saneamento e desinfecção ambiental em 1 de janeiro de 2020<sup>1</sup>. A Organização Mundial da Saúde (OMS) declarou a COVID-19 como Emergência de Saúde Pública de Interesse Internacional em 30 de janeiro de 2020<sup>4</sup>. A China tomou decisões sem precedente na saúde pública mundial, como decretar quarentena em toda a Província de Hubei, em que quase 60 milhões de pessoas ainda estão em quarentena. Esta foi uma rigorosa medida em saúde pública, para conter a disseminação da epidemia pelo SARS-COV-2, além de ações como construção de dois hospitais em menos de 10 dias para dar resposta para a atual epidemia em que mais de 70% dos casos da doença estão concentrados na Província de Hubei, em território chinês<sup>10</sup>.

Wuhan combina vários elementos favoráveis à emergência e à propagação de um vírus zoonótico<sup>4</sup>. Sendo a maior cidade (11 milhões) da China central, é um importante centro de transporte e centro de indústria e comércio. Cerca de 30.000 passageiros voam diariamente de Wuhan para destinos em todo o mundo. Em 2018, mais de 24,5 milhões de passageiros passaram pelo aeroporto de Wuhan. A rede de trens de alta velocidade da China expandiu para cerca de 35.000 Km até o final de 2019. Os trens-bala realizaram 2,31 bilhões de viagens de passageiros em 2019<sup>9</sup>.

Os patógenos emergentes e reemergentes representam importante desafio para saúde pública mundial, a facilidade do deslocamento humano, o tamanho e o alcance da malha aérea internacional de viagens contribuem sobremaneira para a dispersão rápida de novos e antigos patógenos. Assim como a biotecnologia e os sistemas de comunicação evoluíram, pudemos observar a detecção e a divulgação internacional imediata do novo agente; a mobilidade humana, o crescimento acelerado da necessidade de produção animal para fonte proteica coexistem com o desafio da manutenção das reservas ambientais e do patrimônio cultural das populações. Assim a espécie humana estará sempre exposta direta ou indiretamente a possibilidade de infecção por antigos e novos agentes. Os viajantes são considerados população sentinela para a introdução e a reintrodução de patógenos emergentes e reemergentes com potencial capacidade de rápida disseminação em todo o mundo, o que pode evoluir para uma pandemia.

De certa forma, pesquisadores chineses em um estudo sobre a biologia dos morcegos na China, alertaram a comunidade científica de que seria altamente provável que futuros surtos de coronavírus semelhantes ao SARS-COV e MERS-COV teriam origem a partir de morcegos, com maior probabilidade de que isso ocorresse na Província de Hubei, na China. Os mesmos pesquisadores chamaram atenção para urgente investigação de coronavírus entre morcegos com o objetivo de detectar o mais oportunamente sinais de alerta, com o intuito de minimizar o impacto de futuros surtos ou epidemias causados por coronavirus na China<sup>7</sup>.

Os patógenos zoonóticos virais de humanos, como os coronavírus MERS-CoV estão entre os 10 temas de prioridades da OMS desde dezembro de 2015, em razão de terem sido “considerados suscetíveis para causar surtos graves em um futuro próximo e para os quais não existem soluções preventivas e curativas, ou estas são insuficientes”<sup>10,11</sup>.

A epidemia em curso pelo SARS-COV-2 deve ser entendida no contexto atual do impacto dos fenômenos que envolvem as inter relações do homem com a natureza, e a oportunidade para avaliar e compreender as necessidades para alcançar uma Saúde Única com abordagem da relevância das interações entre saúde ambiental, animal e humana como elemento chave para muitas doenças emergentes.

## REFERENCIAS

1. Munster VJ, Koopmans M, van Doremalen N, van Riel D, de Wit E. A novel coronavirus emerging in China - Key questions for impact assessment. *N Engl Med J*. 2020;382:692-4. doi: 10.1056/NEJMp2000929.
2. 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, Chen J, Meng Y, Wang J, Lin Y, Yuan J, Xie Z, Ma J, Liu WJ, Wang D, Xu W, Holmes EC, Gao GF, Wu G, Chen W, Shi W, Tan W. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *Lancet*. 2020 Jan 30. pii: S0140-6736(20)30251-8. doi: 10.1016/S0140-6736(20)30251-8.
3. 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 D, Sidorov IA, Sola I, Ziebuhr J. Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: the species and its viruses – a statement of the Coronavirus Study Group. bioRxiv preprint. bioRxiv 2020.02.07.937862. doi: <https://doi.org/10.1101/2020.02.07.937862>.
4. Wilson ME, Chen LH. Travelers give wings to novel coronavirus (2019-nCoV). *J Travel Med*. 2020 Feb 3. pii: taaa015. doi: 10.1093/jtm/taaa015.
5. Zumla A, Dar O, Kock R, Muturi M, Ntoumi F, Kaleebu P, Eusebio M, Mfinanga S, Bates M, Mwaba P, Ansumana R, Khan M, Alagaili AN, Cotten M, Azhar EI, Maeurer M, Ippolito G, Petersen E. Taking forward a ‘One Health’ approach for turning the tide against the Middle East respiratory syndrome coronavirus and other zoonotic pathogens with epidemic potential. *Int J Infect Dis*. 2016;47:5-9. doi: 10.1016/j.ijid.2016.06.012.
6. Rodriguez-Morales AJ, Bonilla-Aldana DK, Balbin-Ramon GJ, Rabaan AA, Sah R, Paniz-Mondolfi A, Pagliano P, Esposito S. History is repeating itself: probable zoonotic spillover as the cause of the 2019 novel Coronavirus Epidemic. *Infez Med*. 2020;28(1):3-5.
7. Fan Y, Zhao K, Shi Z-L, Zhou P. Bat Coronaviruses in China. *Viruses*. 2019;11:210. doi: 10.3390/v11030210.
8. Plowright RK, Parrish CR, McCallum H, Hudson PJ, Ko AI, Graham AL, Lloyd-Smith JO. Pathways to zoonotic spillover. *Nat Rev Microbiol*. 2017;15(8):502-510. doi: 10.1038/nrmicro.2017.45.
9. Biscayart C, Angeleri P, Lloveras S, Chaves TDSS, Schlagenhauf P, Rodríguez-Morales AJ. He next big threat to global health? 2019 novel coronavirus (2019-nCoV): What advice can we give to travellers? – Interim recommendations January 2020, from the Latin-American Society for Travel Medicine (SLAMVI). *Travel Med Infect Dis*. 2020 Jan 30:101567. doi: 10.1016/j.tmaid.2020.101567.
10. Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, Ren R, Leung KSM, Lau EHY, Wong JY, Xing X, Xiang N, Wu Y, Li C, Chen Q, Li D, Liu T, Zhao J, Li M, Tu W, Chen C, Jin L, Yang R, Wang Q, Zhou S, Wang R, Liu H, Luo Y, Liu Y, Shao G, Li H, Tao Z, Yang Y, Deng Z, Liu B, Ma Z, Zhang Y, Shi G, Lam TTY, Wu JTK, Gao GF, Cowling BJ, Yang B, Leung GM, Feng Z. Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected Pneumonia. *N Engl J Med*. 2020 Jan 29. doi: 10.1056/NEJMoa2001316.
11. World Health Organization (WHO). WHO publishes list of top emerging diseases likely to cause major epidemics. Geneva: WHO; 2016 [cited 2020 Feb 19]. Available from: <http://www.who.int/medicines/ebola-treatment/WHO-list-of-top-emerging-diseases/en/>.