

# REVISTA DE PATOLOGIA DO TOCANTINS

## PERFIL EPIDEMIOLÓGICO, MICROBIOLÓGICO E IMUNOLÓGICO DAS INFECÇÕES CAUSADAS PELO VÍRUS OROPOUCHE - REVISÃO INTEGRATIVA

EPIDEMIOLOGICAL, MICROBIOLOGICAL AND IMMUNOLOGICAL  
PROFILE OF INFECTIONS CAUSED BY THE OROPOUCHE VIRUS –  
INTEGRATIVE REVIEW

**Editor:** Anderson Barbosa Baptista

**Publicado:** janeiro/dezembro 2026.

**Direitos Autorais:** Este é um artigo de acesso aberto que permite o uso, a distribuição e a reprodução sem restrições em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

**Conflito de Interesses:** os autores declaram que não existem conflitos de interesses.

**DOI:**

<https://doi.org/10.20873/RPT2026fluxocointinuo22475>

### **\*Edlainny Araujo Ribeiro**

Doutoranda em Infectologia na Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP). Docente do curso de Enfermagem e de Medicina (2016-atual) da Faculdade de Ensino Superior da Amazônia Reunida (FESAR/Afya), Redenção, Pará, Brasil.

<http://Orcid.org/0000-0001-6935-3400>

### **Cláudia Pereira Dias**

Discente do curso de medicina, FESAR/Afya, Redenção, Pará, Brasil. <http://Orcid.org/0000-0002-6271-061X>

### **Luis Filipe Viana dos Santos Mota**

Discente do curso de medicina, FESAR/Afya, Redenção, Pará, Brasil. <http://Orcid.org/0000-0002-8158-1569>

### **Michelle Coutinho da Cruz**

Discente do curso de medicina, FESAR/Afya, Redenção, Pará, Brasil. <http://Orcid.org/0000-0001-7132-4940>

### **\*Autor correspondente:**

Edlainny Araujo Ribeiro. Departamento de Medicina e Enfermagem, Faculdade de Ensino Superior da Amazônia Reunida - FESAR/Afya. Av. Brasil, 1435 - Alto Paraná, Redenção - PA, Brasil. | CEP 68550-325  
Telefone: (94) 99178-0799/ E-mail/Correspondência para: [dyy\\_araujo77@hotmail.com](mailto:dyy_araujo77@hotmail.com)

## RESUMO:

**Introdução:** A febre Oropouche é uma arbovirose causada pelo vírus zoonótico *Oropouchevirus* (OROV), membro da família *Peribunyaviridae*, que apresenta um genoma de RNA de fita simples segmentado, com alta capacidade de mutação. Os sintomas são semelhantes aos das arboviroses, como Dengue, Zika e Chikungunya, dessa forma, é crucial compreender as nuances específicas dessa patologia. O presente estudo objetiva apresentar as evidências científicas acerca do perfil epidemiológico, microbiológico e imunológico das infecções causadas pelo vírus *Oropouche*. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão integrativa da literatura, cuja busca dos estudos foi realizada nas seguintes bases de dados: A *Science Direct* e *National Library of Medicine National Institutes of Health* (PubMed) foram analisados artigos publicados em 2020 a 2025, publicados em português e inglês. Utilizou-se o fluxograma do *Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses* (PRISMA). **Resultados:** Foram incluídos nessa revisão 11 artigos. O vírus tem se manifestado, predominantemente, na América do Sul e Central. Entre os estudos analisados 27,2% associaram diretamente glicoproteínas (Gn e Gc) à evasão da resposta imune e 36,4% descreveram alta variabilidade mutagênicas. Ao analisar as características imunológicas, notou-se 27,3% induz respostas imunes inata e adaptativa, mas há lacunas no entendimento da resposta humoral e celular de longa duração. **Conclusão:** É evidente que o OROV é emergente e responsável por uma infecção negligenciada, cuja expansão está relacionada à combinação de fatores ecológicos, microbiológicos, genéticos e imunológicos. Logo, estratégias que visam seu controle e mitigação devem incluir, por exemplo, abordagens de *One Health*. **PALAVRAS-CHAVE:** Infecções por *Bunyaviridae*; Epidemiologia; Microbiologia; Imunidade; Desenvolvimento de Vacinas.

---

## ABSTRACT:

**Introduction:** Oropouche fever is an arboviral disease caused by the zoonotic *Oropouchevirus* (OROV), a member of the *Peribunyaviridae* family, which has a segmented single-stranded RNA genome with a high mutation capacity. Symptoms are like those of other arboviral diseases such as Dengue, Zika, and Chikungunya; therefore, understanding the specific nuances of this pathology is crucial. This study aims to present scientific evidence regarding the epidemiological, microbiological, and immunological profile of infections caused by the *Oropouche* virus. **Methodology:** This is an integrative literature review, in which the search for studies was conducted in the following databases: *Science Direct* and the *National Library of Medicine National Institutes of Health* (PubMed). Articles published in Portuguese and English between 2020 and 2025 were analyzed. The *Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses* (PRISMA) flowchart was used. **Results:** Eleven articles were included in this review. The virus has manifested predominantly in South and Central America. Among the studies analyzed, 27.2% directly associated glycoproteins (Gn and Gc) with immune response evasion, and 36.4% described high mutagenic variability. When analyzing the immunological characteristics, it was noted that 27.3% induce innate and adaptive immune responses, but there are gaps in the understanding of the long-term humoral and cellular response. **Conclusion:** It is evident that OROV is an emerging virus that causes a neglected infection, whose expansion is related to a combination of ecological, microbiological, genetic, and immunological factors. Therefore, strategies aimed at its control and mitigation should include, for example, *One Health* approaches.

**KEYWORDS:** *Bunyaviridae* Infections; Epidemiology; Microbiology; Immunity; Vaccine Development.

---

## INTRODUÇÃO

A febre Oropouche é uma arbovirose causada pelo vírus zoonótico *Oropouchevirus* (OROV), trata-se de um arbovírus membro da família *Peribunyaviridae*, caracterizado por uma estrutura de RNA de fita simples de sentido negativo e um genoma com envelope lipídico. O vírus possui o RNA segmentado em segmentos Grande (L), Médio (M) e Pequeno (S) e dá origem a seis proteínas estruturais e não estruturais<sup>1</sup>. Sua transmissão está relacionada com o crescimento populacional humano, bem como fatores ambientais e mudanças climáticas, resultantes da consequência da perturbação do equilíbrio ecológico<sup>2</sup>.

Esse vírus é transmitido principalmente por mosquitos, apresentando implicações significativas para a saúde pública<sup>3</sup>. O primeiro caso ocorreu em 1955, envolvendo um trabalhador florestal, e posteriormente em 1960, o vírus foi detectado na floresta Bush, em Trinidad, no Caribe, em mosquitos da espécie *Coquillettidia venezuelensis*. No Brasil, registros ocorreram na região amazônica durante a construção da rodovia Belém-Brasília, sendo identificado em mamíferos como o bicho-preguiça (*Bradypus tridactylus*) e em mosquitos da espécie *Ochlerotatus serratus*<sup>4</sup>.

Embora tenha sido identificada no século XX, a febre Oropouche ainda é considerada uma doença negligenciada, havendo aumento de surtos em estados brasileiros, como Amazonas, Acre, Amapá, Pará, Tocantins e Mato Grosso<sup>5</sup>. Além disso, o clima úmido e o ambiente florestal exercem influência significativa sobre o aumento da incidência da doença no Brasil, pois, podem favorecer a manutenção dos vetores e reservatórios envolvidos no ciclo de transmissão, contribuindo para a persistência e a ocorrência da doença em determinadas regiões. Analisando o contexto epidemiológico, observou-se maior concentração de casos na região Central e Sul, do continente americano<sup>6</sup>. Durante janeiro de 2015 a março de 2024, o Brasil registrou 5.407 casos de febre do Oropouche; 52% entre homens e 48% entre mulheres, sendo que 97,1% dos casos ocorreram na região amazônica. Isso evidencia a necessidade urgente de um sistema integrado de vigilância e resposta que inclua vigilância epidemiológica e estratégias de saúde pública para gerenciar efetivamente a expansão da febre de Oropouche no Brasil<sup>7</sup>.

Dessa forma, estudos que apresentam, características específicas de virulência e imunogenicidade são cruciais para o entendimento completo da fisiopatologia<sup>8</sup>. Assim, a infecção caracteriza-se por febre, cefaleia, artralgia, fotofobia e erupções cutâneas, podendo evoluir para quadros mais graves como meningite asséptica e hemorragias<sup>2</sup>. Apesar desses conhecimentos, a notificação epidemiológica da doença torna-se difícil, uma

vez que, há lacunas em relação a sua fisiopatologia e a maioria dos locais de pronto-atendimento não possuem testes próprios para diagnosticar a doença<sup>5</sup>.

Ainda, devido à emergência de casos da febre Oropouche medidas de vigilância e diagnóstico precoce são fundamentais para conter a expansão da doença<sup>9,10</sup>. Portanto, a abordagem *One Health* (Uma Só Saúde) é essencial para integrar, equilibrar e otimizar de forma sustentável a saúde de pessoas, animais e ecossistemas. Essa abordagem possibilita o monitoramento integrado de casos, vetores, potenciais hospedeiros e condições ambientais, contribuindo para a identificação precoce e direcionamento de medidas para prevenção e controle<sup>1,2</sup>.

**METODOLOGIA**

**Desenho do estudo**

Este estudo é uma revisão integrativa da literatura, que visa apresentar as evidências científicas acerca do perfil epidemiológico, microbiológico e imunológico das infecções causadas pelo vírus Oropouche. A busca dos estudos foi realizada nas seguintes bases de dados *Science Direct* e *National Library of Medicine National Institutes of Health* (PubMed). Os descritores e palavras-chave foram obtidos por consulta nos Descritores de Ciências em Saúde (DECS). No decorrer da busca, os descritores foram cruzados entre si com o uso dos booleanos “OR” e “AND” e foram analisados artigos publicados entre 2020 e 2025 (Quadro 1).

Na estruturação da revisão foram executadas algumas etapas: 1-seleção da pergunta de pesquisa, 2-busca nas bases de dados, categorização dos estudos, 3-avaliação, 4-análise dos resultados e 5- síntese do conhecimento (Figura 1). Dessa forma busca-se esclarecer: Quais são as principais características epidemiológicas, microbiológicas e imunogênicas do OROV (*Oropouchevirus*)?

Quadro 1 - Descritores utilizados nesta revisão integrativa

|                                                                          |                                                                                |
|--------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------|
| <b>DESCRITORES*:</b>                                                     | Epidemiology; Immunity; Microbiology; Oropouche Vírus; Vaccine Development.    |
| <b>ESTRATÉGIAS*:</b><br><b>PUBMED</b><br><b>SCIENCE</b><br><b>DIRECT</b> | Estratégia I: <i>Oropouche infection AND Epidemiology AND Microbiology</i>     |
|                                                                          | Estratégia II: <i>Oropouche infection AND Immunity AND Vaccine Development</i> |

Fonte: Os autores, 2025.

## **Critérios de inclusão e exclusão**

Foram incluídos artigos que traziam como abordagem central a caracterização epidemiológico, microbiológico e imunológico do OROV, (em que aspectos), em texto completo, publicados entre 2020 a 2025. Foram excluídos os artigos que não contemplavam os critérios elegidos, que não responderam à pergunta de investigação e que estavam em duplicata, bem como, os artigos de opiniões, reflexão teórica, teses, dissertações e capítulo de livro. Além disso, também foram excluídas pesquisas sem aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa.

## **Variáveis**

Foram consideradas para fins da escrita da revisão, variáveis que caracterizaram o perfil epidemiológico: idade, sexo, raça, renda e vulnerabilidade espacial dos indivíduos mais acometidos; Para fins de perfil microbiológico foram consideradas as variáveis: fatores de virulências e mecanismos patogênicos; Ainda, para caracterização imunológica foram consideradas as principais respostas imunológicas inatas ou adquiridas descritas para a resolução do processo infeccioso.

## **Instrumentos de coleta de dados, estratégias de aplicação, análise e apresentação dos dados**

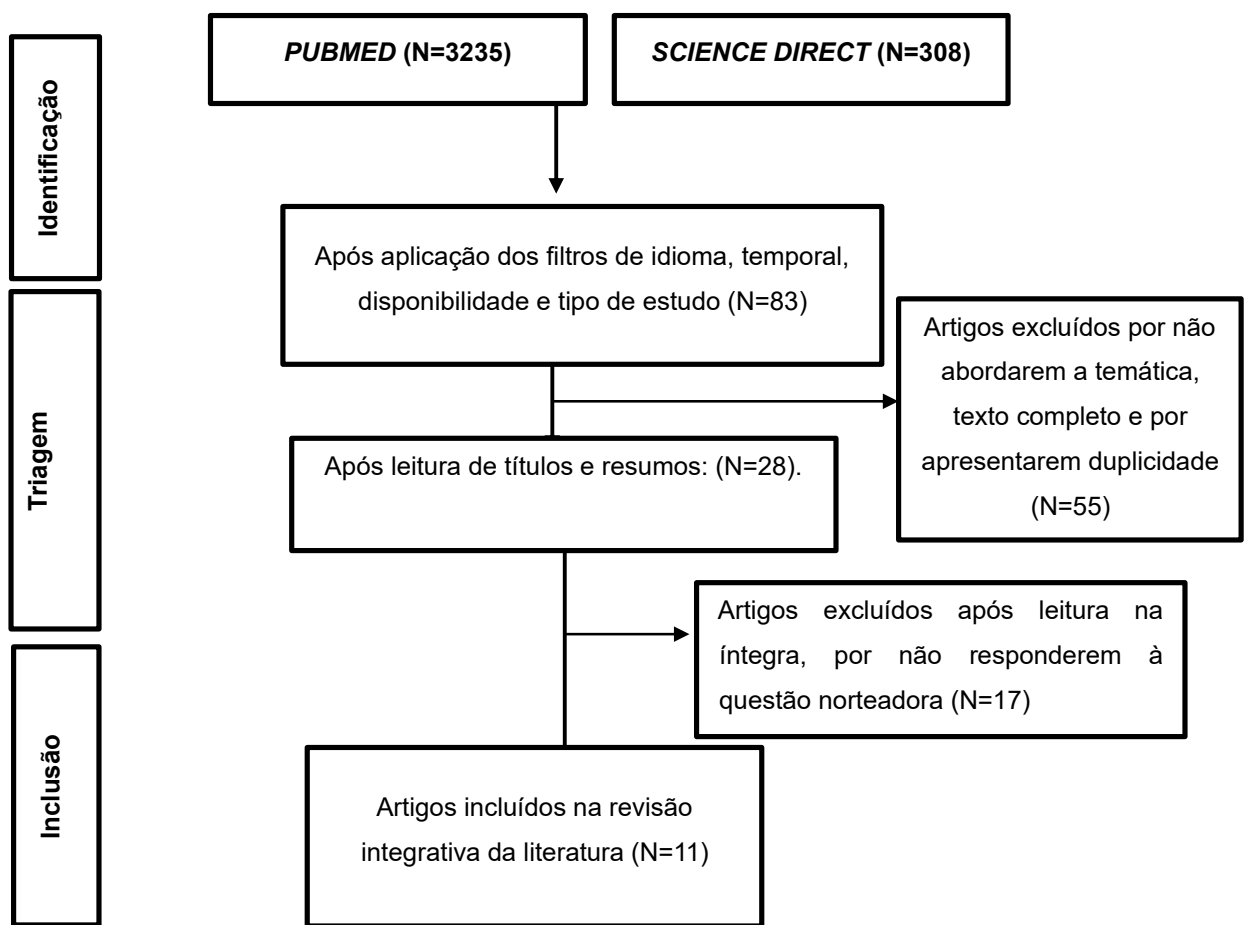
Os dados obtidos na coleta de dados foram transferidos e tabulados em bancos de dados no *Software Microsoft Excel* 2019 para posterior análise. Os resultados foram apresentados em tabelas e quadros e consolidados de acordo com a codificação apropriada para cada uma das variáveis estudadas. Para análise dos artigos incluídos, os conteúdos extraídos dos estudos foram subdivididos em categorias temáticas.

A seleção dos dados relevantes dos artigos selecionados anteriormente foi executada de forma sistemática utilizando *checklist* elaborado pelos pesquisadores. Esse instrumento facilita a sintetização e a comparação entre os dados encontrados, além de possibilitar a interpretação mais objetiva deles. O quadro apresenta ano, autoria, local do estudo (cidade e país), tipo de estudo, nível de evidência, periódico que foi publicado, bem como, o assunto central.

A coleta foi realizada em agosto de 2025 e a análise dos artigos selecionados foi realizada independentemente por três avaliadores, de forma cega, ou seja, os autores, realizaram todo o *checklist* de forma independente e só apresentaram os resultados após seleção dos artigos incluídos, que anteriormente foram comparados e discutidos, entre os 3 autores responsáveis<sup>11</sup>.

A classificação, quanto aos níveis de evidência (NE), seguiu critérios já validados: nível 1- estudos com desenho metodológico de meta-análise ou revisões sistemáticas; nível 2- ensaios clínicos randomizados controlados; nível 3- ensaios clínicos sem randomização; nível 4- estudos de coorte e caso-controle; nível 5- revisões sistemáticas de estudos descritivos e qualitativos; nível 6- estudos descritivos ou qualitativos; nível 7- opinião de especialistas.

Figura 1 - Fluxograma “flowchart” PRISMA de seleção dos dados para revisão integrativa



**Fonte:** Autoria própria, 2025; Adaptado de MJ, M. J. *et al.* A declaração PRISMA 2020: uma diretriz atualizada para relatar revisões sistemáticas. BMJ, v. 372, 2021.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Diante do elevado potencial epidêmico do OROV, de sua ampla variabilidade genética, da inexistência de tratamentos e vacinas específicos e das lacunas científicas sobre sua imunogenicidade, os resultados desta revisão assumem relevância. Ao organizar e sintetizar evidências sobre a epidemiologia, a microbiologia e a imunologia do vírus, o

estudo amplia a compreensão de sua virulência e reúne informações consistentes que podem subsidiar novas pesquisas e fortalecer a literatura científica<sup>1-17</sup>.

Dessa forma, a amostra analisada para resultados e discussão deste estudo compreendeu 11 artigos, predominantemente classificados conforme avaliação baseada no nível de evidência (NE), com delineamento metodológico de estudos descritivos ou qualitativos (NE 6), representando 63,6% (7/11) do total. Em seguida, destacam-se os estudos com desenho metodológico de meta-análise ou revisões sistemáticas (NE 1), bem como coorte e caso-controle (NE 4), que constituem 36,4 % (4/11). O ano com maior número de publicações foi 2025 com 54,5% (6/11). O país de origem com maior frequência foi o do EUA.

Tabela 1 - Caracterização das evidências científicas incluídas na revisão integrativa.

| Título do artigo/<br>Citação                                                                                                    | Ano  | Tipo de estudo/<br>Nível de Evidência (NE) | Objetivo                                                 | País | Características epidemiológicas, microbiológicas e imunogênicas                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|--------------------------------------------|----------------------------------------------------------|------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Reemergence of <i>Oropouche Virus</i> in the Americas and Risk for Spread in the United States and Its Territories <sup>3</sup> | 2024 | Revisão narrativa - NE: 6                  | Avaliar risco de expansão do Oropouche para as Américas. | EUA  | O vírus Oropouche, é transmitido principalmente por mosquitos como <i>Culicoides paraensis</i> e <i>Culex quinquefasciatus</i> , tornou-se uma preocupação crescente de saúde pública nas Américas. Pode surgir em ambientes silvestres e urbanos, envolvendo humanos como hospedeiros. Os sintomas lembram outras arboviroses, incluindo febre, dor de cabeça, dores musculares e, em casos raros, complicações neurológicas ou hemorrágicas. Há dificuldades para o diagnóstico e pode resultar em subnotificação. Há relatos de transmissão vertical e mortes. A recombinação genética do Oropouche pode favorecer sua adaptação. Nos EUA é considerado baixo devido às condições ambientais desfavoráveis para os vetores. |

|                                                                                                                              |      |                                          |                                                                               |        |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------|--------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Insights into the expansion of <i>Oropouche virus</i> in Brazil: epidemiological and environmental aspects <sup>12</sup>     | 2025 | Estudo Observacional-Ecológico-NE 6      | Discutir fatores ambientais e epidemiológicos que favorecem expansão do OROV. | Brasil | A expansão do vírus Oropouche (OROV) no Brasil, proporcionou surtos que ultrapassaram a Amazônia e alcançaram estados como São Paulo, Rio de Janeiro e Espírito Santo, este último configurando-se como novo foco emergente. Dessa forma, nota-se a plasticidade genética do OROV, incluindo rearranjos e mutações nos segmentos S e M, que podem favorecer maior adaptação a vetores urbanos e aumento da transmissibilidade. Essas alterações, aliadas a fatores ambientais como desmatamento, urbanização e mudanças climáticas, potencializam a dispersão viral.                                                                                                             |
| Re-emergence of <i>Oropouche</i> vírus between 2023 and 2024 in Brazil: an observational epidemiological study <sup>13</sup> | 2025 | Estudo epidemiológico observacionalNE: 4 | Relatar reemergência de casos de OROV em surtos recentes.                     | Brasil | Houve uma ascensão significativa do vírus Oropouche (OROV) no Brasil entre 2023 e 2024, marcada por ampla disseminação geográfica e aumento exponencial de casos, especialmente na região Norte. A identificação de um vírus reassortante com maior capacidade replicativa em células de mamíferos, formação de placas mais precoces e maior escape da neutralização sorológica, sugere que alterações genômicas recentes potencializaram a transmissão e reduziram a eficácia da imunidade prévia. Esses achados reforçam a necessidade de vigilância epidemiológica integrada, monitoramento genômico contínuo e estratégias para mitigar surtos em áreas endêmicas e urbanas. |
| Oropouche virus genomic surveillance in Brazil <sup>9</sup>                                                                  | 2024 | Estudo ObservacionalNE: 4                | Descrever surto em região de fronteira da Amazônia                            | Brasil | O vírus Oropouche (OROV) tem acometido regiões de fronteira da Amazônia ocidental, com 27 casos confirmados por RT-PCR. Os pacientes, majoritariamente adultos jovens, apresentaram febre, mialgia, cefaleia e dor lombar, sintomas semelhantes a outras arboviroses, o que dificulta o diagnóstico diferencial. A análise genômica parcial dos segmentos S e M                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |

revelou alta identidade com linhagens brasileiras previamente descritas, confirmando a circulação contínua do OROV. A detecção concentrou-se em meses chuvosos, quando vetores como *Culicoides paraensis* proliferam, sugerindo associação com fatores climáticos e ambientais, como desmatamento. Reforça a importância da vigilância epidemiológica e genômica frente a arbovírus negligenciados na Amazônia.

|                                                                                                                                  |      |                          |                                           |     |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|--------------------------|-------------------------------------------|-----|
| Mapping the foundation of virology, epidemiology, therapeutics, and research and development of Oropouche vaccines <sup>10</sup> | 2022 | Revisão narrativa- NE: 6 | Mapear conhecimento existente sobre OROV. | EUA |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|--------------------------|-------------------------------------------|-----|

O OROV é um *Orthobunyavirus* da família *Peribunyaviridae*, com genoma de RNA segmentado em três partes, o que favorece elevada variabilidade genética e eventos de reassortimento. No que refere-se à virologia, a infecção induz ativação da imunidade inata e adaptativa, mas ainda existem lacunas na compreensão da resposta celular e humoral de longa duração, cruciais para o desenvolvimento de vacinas eficazes. Nesse viés, OROV já provocou milhões de casos na América Latina, sobretudo na Amazônia, com surtos recorrentes, urbanização crescente da transmissão e risco de expansão global, no entanto, ainda há a ausência de antivirais específicos e vacinas licenciadas, defendendo investimento em vigilância e imunoprofilaxia.

|                                                                                                         |      |                            |                                                          |     |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|----------------------------|----------------------------------------------------------|-----|
| Vector competence for <i>Oropouche</i> virus: A systematic review of pre-2024 experiments <sup>14</sup> | 2025 | Revisão sistemática- NE: 1 | Revisar experimentos sobre competência vetorial do OROV. | EUA |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|----------------------------|----------------------------------------------------------|-----|

O vírus OROV pode ser transmitido por mosquitos *Culicoides paraensis* e *C. sonorensis*, apresentam elevada competência para transmissão (~30%), configurando-se como os principais vetores biológicos. Em contraste, mosquitos dos gêneros *Aedes* e *Culex* mostraram baixas taxas de infecção (20%) e transmissão limitada, sugerindo papel epidemiológico reduzido. Existem lacunas importantes, como a escassez de dados com linhagens modernas do OROV, necessidade de testar novos

|                                                                                                                |      |                                          |                                             |            |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|------------------------------------------|---------------------------------------------|------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Clinical presentation of <i>Oropouche</i> virus infection: A systematic review and meta-analysis <sup>15</sup> | 2025 | Revisão sistemática e meta-análise-NE: 1 | Avaliar e apresentações clínicas do OROV.   | China      | vetores e reforçar vigilância entomológica.<br><br>O estudo analisou 15 estudos com 806 pacientes infectados pelo vírus Oropouche (OROV). Os sintomas mais comuns incluíram febre e cefaleia, além de manifestações gastrointestinais como náuseas, vômitos, anorexia e odinofagia; sintomas oculares como dor retro-orbital, fotofobia e hiperemia; respiratórios como tosse, dor de garganta e congestão nasal; e alterações cutâneas como exantema, prurido e palidez. O diagnóstico baseou-se em métodos laboratoriais, incluindo RT-PCR e ensaios sorológicos, fundamentais para distinguir a febre de Oropouche de outras doenças febris. |
| The emergence of <i>Oropouche</i> fever: A potential new threat? <sup>16</sup>                                 | 2025 | Revisão narrativa-NE: 6                  | Analisar como ameaça emergente              | OROV Índia | A febre Oropouche , causada pelo vírus Oropouche (OROV), destaca- se por sua rápida expansão geográfica e surtos emergentes, impulsionados por fatores ambientais, sociais e ecológicos .O estudo explora o mecanismo de entrada viral e a resposta imune do hospedeiro, ressaltando o papel dos vetores na transmissão. Com isso, também identifica-se lacunas críticas em vigilância, diagnóstico molecular, terapias antivirais, desenvolvimento de vacinas e estratégias de saúde pública, apontando a necessidade de ações coordenadas, integradas e mais robustas frente ao risco crescente.                                              |
| The current status of arboviruses with major epidemiological significance in Europe <sup>17</sup>              | 2024 | Revisão narrativa-NE: 6                  | Mapear arboviroses relevantes para a Europa | Espanha    | Observa-se na Europa a expansão de arbovírus como Dengue, Chikungunya, Zika, West Nile e Crimean-Congo hemorrágico, impulsionada por vetores (mosquitos, carrapatos), mudanças climáticas e atividades humana. Dessa forma, trata-se de vírus de RNA transmitidos por complexos ciclos envolvendo reservatórios animais, vetores e humano. Assim, os sintomas variam da febre autolimitada a formas                                                                                                                                                                                                                                             |

|                                                                                          |      |                         |                                      |       |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|------------------------------------------------------------------------------------------|------|-------------------------|--------------------------------------|-------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Comprehensive Review of the Neglected and Emerging Oropouche Virus <sup>1</sup>          | 2025 | Revisão narrativa-NE: 6 | Revisar aspectos gerais do OROV      | EUA   | <p>graves com envolvimento neurológico, como meningite e encefalite, especialmente com West Nile.</p> <p>O Oropouche vírus (OROV), pertencente ao gênero <i>Orthobunyavirus</i> (família <i>Peribunyaviridae</i>), é um arbovírus de RNA segmentado, com alta capacidade de reassortimento genético. É transmitido principalmente pelo <i>Culicoides paraensis</i>, além de mosquitos, e circula entre humanos e animais silvestres. Causa febre de Oropouche, caracterizada por febre alta, cefaleia, mialgia, artralgia, náuseas e fotofobia; casos graves podem evoluir para meningite ou encefalite. O OROV, já provocou surtos na Amazônia e outras regiões tropicais. O diagnóstico baseia-se em RT-PCR e sorologia, enquanto a prevenção depende de vigilância entomológica, controle vetorial e desenvolvimento de vacinas, ainda em investigação.</p> |
| <i>Oropouche</i> virus: A neglected global arboviral threat. Virus Research <sup>2</sup> | 2024 | Revisão narrativa-NE: 6 | Revisar epidemiologia global do OROV | China | <p>O <i>Oropouchevirus</i> (OROV) é um arbovírus negligenciado, com mais de 500 mil casos documentados, principalmente na América do Sul. Causa surtos epidêmicos urbanos com febre, cefaleia, mialgia e, raramente, manifestações neurológicas. O OROV pertence à família <i>Peribunyaviridae</i>, com genoma segmentado RNA de fita simples. A replicação viral rápida e a resposta inflamatória intensa contribuem para a patogênese. A ausência de vacina e diagnóstico limitado dificultam o controle, aumentando o risco de expansão geográfica diante das mudanças climáticas e urbanização.</p>                                                                                                                                                                                                                                                        |

Fonte: Elaborado pelos autores, 2025.

A análise integrativa foi organizada em três eixos principais: 1- aspectos epidemiológicos da infecção por OROV, apresentada em 81,8% (9/11)<sup>1-3,9,10,11,12,15,16</sup> dos artigos incluídos na revisão, 2- características microbiológicas e genéticas do vírus descrita

em 63,6% (7/11)<sup>1,2,12-16</sup> e 3- evidências sobre a resposta imunológica e perspectivas vacinais citadas em 63,6% (7/11)<sup>1,2,10,12,13,16,17</sup>.

O vírus tem se manifestado, predominantemente, na América do Sul e América Central. Em países como Brasil, Peru, Panamá, Colômbia, Venezuela e Bolívia. 63,6% (7/11)<sup>1,3,10,11,12,15,16</sup>. Há uma prevalência maior de casos entre os homens quando comparados às mulheres 18,2% (2/11)<sup>9,11</sup>. Os resultados confirmaram que os vetores biológicos primários do OROV são *Culicoides*, com ênfase na espécie *C. paraensis*, mencionado em 90,9% (9/11) dos estudos dessa revisão como o vetor dominante<sup>1,3,9,10,11-16</sup>. Além disso, alguns fatores ambientais podem contribuir, a exemplo da sazonalidade 45,5% (5/11)<sup>1,3,11-13</sup>.

Considerando os aspectos microbiológicos as evidências incluídas nesta revisão revelaram que a estrutura viral foi descrita como um vírus envelopado com nucleocapsídeo helicoidal, contendo um genoma de RNA trissegmentado de sentido negativo (54,5%; 6/11)<sup>1-3,10,12,16</sup>. Entre os estudos analisados, 27,3% (3/11)<sup>1,2,15</sup>, associaram diretamente glicoproteínas (Gn e Gc) à evasão da resposta imune e ao aumento da virulência. Além disso, 36,4% (4/11)<sup>1,2,10,12</sup> descreveram alta variabilidade mutagênicas, reforçando o potencial adaptativo do vírus. A recombinação genética foi evidenciada em 27,3% dos textos (3/11) associada à emergência de novas variantes<sup>1,2,10</sup>.

Ao analisar as características imunológicas da infecção, observa-se a ativação das respostas imunes inata e adaptativa. No entanto, persistem lacunas importantes no entendimento da resposta humoral e celular de longa duração, evidenciadas em 27,3% (3/11)<sup>1,2,11</sup> dos estudos avaliados, como por exemplo, uma explicação causal sobre o acometimento do Sistema Nervoso Central, utilizando-se da infecção de células fagocíticas<sup>1,2,11</sup>. Além disso, 27,3% (3/11)<sup>1,2,11</sup> das publicações descreveram estratégias de escape imunológico do OROV, incluindo a invasão da barreira hematoencefálica por um mecanismo semelhante ao de um cavalo de Troia, no qual o vírus circula oculto em fagócitos infectados. Após bloquear a via do interferon, o vírus pode evitar o reconhecimento imunológico, alcançar órgãos e tecidos-alvo e atravessar essa barreira em condições de imunossupressão<sup>2,11</sup>. Nesse viés, 54,5% (6/11)<sup>1,2,10,12,16,17</sup> dos artigos analisados evidenciaram a ausência de vacinas licenciadas ou antivirais específicos. Dessa forma, 36,4% (4/11)<sup>1,2,11,15</sup> demonstraram que há necessidade de investimento em imunoprofilaxia e vigilância integrada.

É evidente que o OROV é um vírus emergente, que causa uma infecção negligenciada, cuja expansão está relacionada à combinação de fatores, microbiológicos,

genéticos e imunológicos<sup>2</sup>. Além disso, alguns fatores contribuem para isso, como a crescente plasticidade viral e ampliação geográfica, associadas à vulnerabilidade dos sistemas de vigilância e à ausência de medidas profiláticas específicas<sup>15</sup>. Portanto, há evidências que apontam para alta probabilidade de ocorrência de epidemias, incluindo a expansão para novas regiões, o que reforça a necessidade de vigilância contínua<sup>12</sup>.

Nessa perspectiva, de alta disseminação, há registros desse vírus em toda a América do Sul, há mais de 20 anos, conta com mais de 23.000 mil casos confirmados entre 2024 e 2025 na Bolívia, Brasil, Colômbia, Cuba, Panamá e Peru<sup>16</sup>. Nesse contexto, o Brasil registrou mais de 22.000 casos de 2023 a 2024, com destaque para a expansão em áreas extra-amazônicas, no entanto, a Bacia Amazônica ainda é um foco de surtos cíclicos. Dessa forma, em 2024, 26 estados e o Distrito Federal relataram infecções, sendo mais recorrentes em municípios brasileiros pequenos<sup>11</sup>.

Essas ocorrências e a disseminação expansão das infecções causadas pelo vírus Oropouche podem ser relacionadas com o ressurgimento viral em áreas endêmicas, alterações do genoma viral, distribuição e competência dos vetores, que são beneficiados pelas mudanças climáticas e o clima úmido<sup>3</sup>. Por fim, as dificuldades para obtenção de diagnósticos precisos refletem a carência de políticas públicas que compreendam a complexidade dos surtos, como a dificuldade de acesso a exames com alta acurácia, que afeta principalmente populações de baixa renda e que vivem em localizações remotas<sup>15,17</sup>.

Ainda, considerando a epidemiologia, os casos de infecção pelo OROV apresentam maior prevalência masculina, cerca de 59% quando comparado ao sexo feminino, variando entre as faixas etárias de 15 a 73 anos<sup>17</sup>. Essa predominância entre os homens sugere uma correlação com maior envolvimento ocupacional, que aumenta a exposição ao principal transmissor, o *C. paraensis*<sup>17</sup>. Além disso, a média de idade da população, de 43 anos, aponta para indivíduos economicamente ativos, o que relaciona diretamente à exposição ocupacional<sup>17</sup>.

O OROV mantém-se na natureza por meio de dois ciclos distintos: o silvestre, que envolve animais como preguiças, macacos e roedores como hospedeiros, e o urbano, no qual o ser humano atua como hospedeiro acidental, especialmente em áreas de alta densidade populacional<sup>2</sup>. O desmatamento generalizado e a expansão urbana têm intensificado o contato entre humanos, vetores e animais silvestres, favorecendo a transição do ciclo silvestre para o urbano e consequentemente, a expansão para outras regiões<sup>14</sup>.

Portanto, por mais que, em semelhança ao OROV, outras arboviroses apresentem vetores competentes e características endêmicas, muitas delas não têm capacidade de transformar animais domésticos em hospedeiros, tornando isso um ponto de preocupação com o OROV<sup>16</sup>. Em uma pesquisa realizada no Brasil, observou-se que, seis animais apresentaram anticorpos neutralizantes (NAb) para OROV, sendo três (50%) bovinos e três (50%) caninos. Um cão e uma vaca apresentaram NAb tanto para Mayaro quanto para OROV, demonstrando que sorologias em animais pode ajudar a monitorar a capacidade de disseminação deste vírus<sup>18</sup>. Em contrapartida, a ausência de vetores competentes em regiões específicas, como em países europeus, orientais e mediterrâneos, limita a ação deste patógeno. Dessa forma, o clima tropical e a mobilidade global são influências fundamentais para propagação vetorial<sup>13</sup>.

Do ponto de vista de aspectos da relação patógeno-hospedeiro, três fatores podem contribuir para a disseminação viral na América Latina, como os fatores relacionados a falta de imunidade competente contra o OROV, características virais de mutação genética e do não reconhecimento de casos da doença devido dificuldade para diagnóstico diferencial entre os surtos de dengue associados<sup>10</sup>. Os dois primeiros fatores correlacionam-se intimamente, tendo em vista que a imunidade do hospedeiro pode ser driblada com a alta capacidade do vírus de modificar seu material genético, desta forma a contenção imunológica do arbovírus é dificultada<sup>1</sup>.

Outra questão atrelada ao segundo fator é a capacidade do vírus em evoluir estruturalmente, pois foi possível comprovar que existem trocas de material genético entre o OROV e outros vírus do mesmo sorogrupo (sorogrupo *simbu*). Por fim, é possível que este intercâmbio genético possa conferir novas variantes com potenciais novos vetores competentes<sup>10,11,13</sup>. Além disso, as glicoproteínas Gn (N-terminal) e Gc (C-terminal) do envelope viral são essenciais para a entrada em células hospedeiras. Elas formam espículas na superfície viral e são definidas como proteínas transmembrana tipo 1, as quais facilitam a ligação e fusão com receptores<sup>11</sup>.

Isso contribui para a evasão imune ao mascarar epítomos antigênicos e inibir respostas do *Interferon*. São alvos promissores para antivirais e vacinas, incluindo inibidores de fusão que bloqueiam a interação Gn-Gc e anticorpos neutralizantes que impedem a ação do Gn/Gc<sup>2</sup>. Outro fato relevante é que o genoma do OROV é composto por três segmentos. Isso permite rearranjos quando o vírus infecta hospedeiros com cepas diferentes. Esses rearranjos criam cepas com combinações genéticas únicas ainda desconhecidas<sup>1</sup>.

Atualmente, há necessidade de mais estudos funcionais e de sequenciamentos genômicos detalhados sobre isolados virais de diferentes regiões geográficas. A análise desses dados pode esclarecer os mecanismos de evolução e adaptação do vírus, facilitando o desenvolvimento de diagnósticos e vacinas regionais adaptadas<sup>2</sup>. Logo, a vigilância integrada é fundamental para fortalecer a capacidade de resposta frente a surtos e prevenir a disseminação de doenças, alinhando-se às diretrizes de saúde pública que priorizam a detecção precoce ao integrar dados epidemiológicos e laboratoriais, permitem ações direcionadas no controle de vetores<sup>15</sup>.

Nessa perspectiva, a abordagem One Health é primordial por integrar epidemiologia, virologia e imunologia para analisar a relação entre agentes, hospedeiros e ambiente<sup>1</sup>. Isso permite identificar cepas virais, monitorar respostas imunes e orientar políticas vacinais<sup>1</sup>. Assim, o controle do OROV demanda aprimoramento da vigilância em saúde pública, diagnóstico específico, controle de vetores e fortalecimento de estratégias preventivas. Pesquisas em antivirais, vacinas e terapias também são fundamentais para mitigar os impactos das infecções por febre Oropouche<sup>10</sup>.

O presente estudo apresenta como limitações a carência de panoramas epidemiológicos e clínicos consolidados. Dessa forma, ressaltam-se a necessidade de novos estudos voltados à investigação de modelos imunológicos experimentais, à análise de epítomos conservados para o desenvolvimento de vacinas e à integração de dados de genômica, imunologia e ecologia vetorial, com ênfase na abordagem dos princípios de *One Health*.

## CONCLUSÃO

Em virtude dos dados apresentados, o vírus Oropouche é um importante problema de saúde pública. Ele apresenta alto poder para causar endemias e surtos periódicos, com foco nas Américas. No que refere-se a variabilidade e transmissão, o vírus apresenta um genoma RNA trissegmentado e envelopado, que são fatores precursores para sua disseminação e dificuldades de diagnóstico e tratamento específicos. Dessa forma, a alta taxa mutagênica, recombinação genética e plasticidade evolutiva do vírus desencadeiam o risco de emergência e novas variantes, tornando mais difícil um manejo direcionado.

A investigação dos seus rearranjos genéticos é crucial para compreender os processos de evolução e adaptação viral, além de favorecer o desenvolvimento de métodos diagnósticos e vacinas ajustados às características regionais. Além disso, é a abordagem *One Health* é importante para formulação de abordagens holísticas, com

aprimoramento dos sistemas de vigilância em saúde pública, ampliação do diagnóstico viral, controle de vetores, proteção individual e fortalecimento de estratégias em saúde pública, bem como, maior direcionamento em pesquisas.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Bai F, Xue X, Xu Y, Wang Y, Zhao L, Liu X, et al. A comprehensive review of the neglected and emerging Oropouche virus. *Viruses*. 2025;17(3):439. <https://doi.org/10.3390/v17030439>
2. Zhang Y, Li Q, Zhao H, Chen X, Wu T, Zhang L, et al. Oropouche virus: a neglected global arboviral threat. *Virus Res*. 2024;341:199318. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2024.199318>
3. Guagliardo S, White S, Rivera A, Carrasco E, Morales D, Smith J, et al. Reemergence of Oropouche virus in the Americas and risk for spread in the United States and its territories, 2024. *Emerg Infect Dis*. 2024;30(11):2241–9. <https://doi.org/10.3201/eid3011.241220>
4. Santos NSO, Romanos MTV, Wigg MD. *Virologia Humana*. 4a ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan; 2021.
5. Pereira CS, Lima AR, Costa CF, Oliveira RC, Santos CA, Martins V. Epidemiologia, diagnóstico e tratamento da febre de Oropouche no Brasil: revisão de literatura. *Rev Bras Epidemiol*. 2021;24:e210009. <https://doi.org/10.1590/1980-549720210009>
6. De Mendonça SF, Dos Santos CLS, Lima ARJ, Souza DCM, Santos JP, Barbosa MG. Evaluation of *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, and *Culex quinquefasciatus* mosquitoes competence to Oropouche virus infection. *Viruses*. 2021;13(5):755. <https://doi.org/10.3390/v13050755>
7. Martins-Filho PR, Carvalho TA, Dos Santos CA. Spatiotemporal epidemiology of Oropouche fever, Brazil, 2015–2024. *Emerg Infect Dis*. 2024;30(10):2196–8. <https://doi.org/10.3201/eid3010.241088>
8. Garcia GM, Alves VSO, Silva BF, Santos RS, Andrade TM, Ferreira JM. Características da febre Oropouche no Brasil: aspectos epidemiológicos e imunológicos. *Rev Foco*. 2024;17(7):e5537. <https://doi.org/10.54751/foco/5537>
9. Moreira FRR, Silva A, Pereira M, Rodrigues M, Lima M, Duarte E, et al. Oropouche virus genomic surveillance in Brazil. *Lancet Infect Dis*. 2024;24(11):e664–6. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(24\)00344-8](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(24)00344-8)
10. Files M, Jackson J, Turner P, Alvarenga B, Smith L, Cheng G, et al. Mapping the foundation of virology, epidemiology, therapeutics, and research and development of Oropouche vaccines. *NPJ Vaccines*. 2022;7(1):38. <https://doi.org/10.1038/s41541-02200456-2>
11. Godinho IP, Ramos F, Cardoso L, Almeida C, Ferreira R, Monteiro V, et al. Insights into the expansion of Oropouche virus in Brazil: epidemiological and environmental aspects. *Exp Biol Med*. 2025;250:10647. <https://doi.org/10.3389/ebm.2025.10647>
12. Scachetti G, Ramos A, Lima L, Duarte M, Carvalho F, Silva P, et al. Re-emergence of Oropouche virus between 2023 and 2024 in Brazil: an observational epidemiological

- study. *Lancet Infect Dis.* 2025;25(2):166–75. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(24\)00619-4](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(24)00619-4)
13. Gallichotte E, Rivera-Bustamante C, Patel S, Thompson P, Li R, Gomez J, et al. Vector competence for Oropouche virus: a systematic review of pre-2024 experiments. *PLoS Negl Trop Dis.* 2025;19(4):e0013014. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0013014>
14. Wang Z, Liu J, Chen R, Huang Y, Li S, Zhou X, et al. Clinical presentation of Oropouche virus infection: a systematic review and meta-analysis. *PLoS Negl Trop Dis.* 2025;19(4):e0012962. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012962>
15. Srivastava S, Kumar A, Patel R, Singh P, Verma S, Khan M, et al. The emergence of Oropouche fever: a potential new threat? *New Microbes New Infect.* 2025;65:101596. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2025.101596>
16. La Calle-Prietto F, Rodríguez-Alonso B, Martínez-García A, Ruiz-Saez A, FernándezMartín E, López-García J, et al. The current status of arboviruses with major epidemiological significance in Europe. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2024;42(9):516–26. <https://doi.org/10.1016/j.eimce.2024.09.008>
17. Monteiro HM, Silva R, Costa J, Pereira L, Ramos A, Oliveira M, et al. Outbreak of Oropouche virus in frontier regions in western Amazon. *Microbiol Spectr.* 2024;12(3):e01629-23. <https://doi.org/10.1128/spectrum.01629-23>
18. Dias HG, Familiar-Macedo D, Garrido IO, Dos Santos FB, Pauvolid-Corrêa A. Exposure of domestic animals to Mayaro and Oropouche viruses in urban and peri-urban areas of West-Central Brazil. *One Health Outlook.* 2024;6(1):12. <https://doi.org/10.1186/s42522-024-00104-w>
-