

DA BANCADA À SAÚDE COLETIVA: REVISÃO SISTEMÁTICA DA VIGILÂNCIA MOLECULAR PARA O CONTROLE DE INFECÇÕES VIRAIS E O ENFRENTAMENTO DO VÍRUS NIPAH

Marina Guimarães Bastos Falcão¹;

¹Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/5601348392027105>

Ana Júlia Melo de Vasconcelos Arruda²;

²Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/5406648571330642>

Matheus Rodrigues Torres Farias³;

³Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/4211471221712331>

Aylthon Gabriel de Lyma Albuquerque Luna⁴;

⁴Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<https://lattes.cnpq.br/2799226247831622>

Letícia Nicolle Evangelista de Brito Gonçalves⁵;

⁵Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/3418656539713346>

Maisa Santos Moraes⁶;

⁶Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/2836200269622413>

Danielle Aguiar Souza⁷;

⁷Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/5967001827450079>

Natália de Medeiros Fiorentino⁸;

⁸Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/1551823648927432>

Yasmim Fernandes Ramos⁹;

⁹Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/8755343599432821>

Matheus Rodrigues Torres Farias¹⁰;

¹⁰Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/4207450737094664>

Milena Ferreira Cruz¹¹;

¹¹Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/5967001827450079>

Nicolly Magalhães de Oliveira¹²;

¹²Programa de Pós-Graduação de Biologia Celular e Molecular Aplicada (PPGBCMA), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/5295305905930492>

Eliane Campos Coimbra¹³.

¹³Universidade de Pernambuco (UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/3002913768267662>

RESUMO: A emergência de vírus zoonóticos constitui um importante desafio à saúde pública, especialmente diante das alterações ambientais e da crescente interação entre populações humanas e reservatórios silvestres. Nesse contexto, o vírus Nipah (NiV) destaca-se pela elevada letalidade, potencial de transmissão zoonótica e ausência de terapias e vacinas amplamente disponíveis. O estudo objetivou analisar a importância das ferramentas moleculares, com destaque para a reação em cadeia da polimerase (PCR) e o sequenciamento de genoma completo (WGS), na detecção, caracterização e vigilância do NiV. Foi realizada uma revisão sistemática da literatura, de abordagem qualitativa e caráter exploratório-descritivo, conduzida conforme as recomendações do PRISMA. As buscas foram realizadas nas bases NCBI, GEMU, PubMed e Frontiers, considerando estudos publicados entre 2016 e 2026, em português ou inglês e com acesso gratuito ao texto completo. Foram identificados inicialmente 1.383 registros, dos quais 14 estudos foram incluídos após as etapas de triagem e elegibilidade. Os achados evidenciaram que RT-PCR, qPCR e WGS contribuem para a detecção do vírus, caracterização genética e investigação de padrões de transmissão. Conclui-se que a vigilância molecular, integrada à abordagem de Saúde Única, constitui ferramenta relevante para a detecção precoce, monitoramento epidemiológico e fortalecimento da resposta às emergências associadas ao NiV.

PALAVRAS-CHAVE: Virulência. Epidemiologia. Saúde pública.

FROM BENCH TO PUBLIC HEALTH: A SYSTEMATIC REVIEW OF MOLECULAR SURVEILLANCE FOR VIRAL INFECTION CONTROL AND NIPAH VIRUS RESPONSE

ABSTRACT: The emergence of zoonotic viruses constitutes an important public health challenge, especially in the context of environmental changes and the increasing interaction between human populations and wildlife reservoirs. In this context, Nipah virus (NiV) stands out due to its high lethality, zoonotic transmission potential, and the absence of widely available therapies and vaccines. This study aimed to analyze the importance of molecular tools, with emphasis on polymerase chain reaction (PCR) and whole-genome sequencing (WGS), for the detection, characterization, and surveillance of NiV. A systematic literature review was conducted using a qualitative approach and an exploratory-descriptive design, following PRISMA recommendations. Searches were performed in the NCBI, GEMU, PubMed, and Frontiers databases, considering studies published between 2016 and 2026, in Portuguese or English, with free access to the full text. Initially, 1,383 records were identified, of which 14 studies were included after the screening and eligibility stages. The findings demonstrated that RT-PCR, qPCR, and WGS contribute to virus detection, genetic characterization, and investigation of transmission patterns. It is concluded that molecular surveillance, integrated with the One Health approach, constitutes a relevant tool for early detection, epidemiological monitoring, and strengthening the response to NiV-associated emergencies.

KEYWORDS: Virulence. Epidemiology. Public health.

INTRODUÇÃO

Os vírus são parasitas intracelulares obrigatórios que dependem das células hospedeiras para sua replicação, apresentando elevada capacidade de adaptação e evolução (Koonin; Dolja; Krupovic, 2022). Nesse contexto, a emergência de doenças infecciosas representa um importante desafio à saúde pública, sendo influenciada por fatores biológicos, sociais e ambientais, incluindo alterações nos agentes patogênicos e nas relações entre populações humanas e o ambiente (Artika; Wiyatno; Ma'roef, 2020).

Entre as doenças emergentes de origem zoonótica, destaca-se a infecção pelo vírus Nipah (NiV), associada a quadros graves de encefalite e elevada letalidade. Seu ciclo epidemiológico envolve morcegos frugívoros do gênero *Pteropus* como reservatórios naturais, com transmissão aos seres humanos por meio do contato com animais infectados, alimentos contaminados e, posteriormente, entre pessoas. Alterações ambientais, como o desmatamento e a fragmentação de habitats, podem favorecer a aproximação entre reservatórios silvestres e populações humanas, aumentando o risco de eventos de salto de espécie (*spillover*) (Mishra; Prajapat; Nayak, 2023). Diante desse cenário, o avanço das tecnologias de sequenciamento genômico e das abordagens metagenômicas tem ampliado a capacidade de identificar, caracterizar e monitorar agentes infecciosos, contribuindo para a vigilância

molecular, a detecção de variantes e o rastreamento da disseminação de patógenos.

Diante da complexidade dos processos de emergência e disseminação do NiV, a utilização de ferramentas moleculares torna-se relevante para a identificação e caracterização do agente, bem como para o acompanhamento de sua circulação. Entre as ferramentas empregadas na detecção e caracterização de agentes virais, destacam-se a reação em cadeia da polimerase (PCR) e o sequenciamento de genoma completo (WGS), que possibilitam a confirmação diagnóstica e subsidiam a adoção oportuna de medidas clínicas, epidemiológicas e de controle (Artika; Wiyatno; Ma'roef, 2020).

A partir do WGS é possível caracterizar a diversidade genética viral, identificar mutações e analisar regiões genômicas associadas a características relevantes do agente, contribuindo para estudos de evolução viral, vigilância e desenvolvimento de estratégias diagnósticas, vacinais e terapêuticas (Houldcroft; Beale; Breuer, 2017). Além disso, a comparação de genomas virais, associada a dados epidemiológicos e geográficos, permite investigar padrões de transmissão, distribuição espacial e disseminação dos agentes infecciosos. Dessa forma, a disponibilidade rápida de dados genômicos pode favorecer o desenvolvimento e a atualização de estratégias diagnósticas, vacinais e terapêuticas, além de fortalecer a vigilância e a resposta diante de doenças infecciosas emergentes (Chen; Lemey; Yu, 2023).

OBJETIVO

Analisar a importância das ferramentas moleculares, com destaque no sequenciamento de genoma completo (WGS) e na reação em cadeia polimerase, para detecção, caracterização e vigilância do vírus Nipah, com a finalidade de destacar sua contribuição para monitoramento da emergência, disseminação, terapias associadas e compreensão do ciclo do vetor desse agente zoonótico.

METODOLOGIA

O presente estudo refere-se a uma revisão sistemática da literatura, com abordagem qualitativa e objetivos exploratório-descritivos, conduzida em setembro de 2026, guiada de acordo com o *Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses* (PRISMA).

A coleta de dados foi realizada nas bases de dados National Center for Biotechnology Information (NCBI), Global Environment Monitoring Unit (GEMU), PubMed e Frontiers, com os descritores consultados no Descritores em Ciências da Saúde (DeCS): “Nipah virus”, “Epidemiology” e “Molecular Diagnosis”. Utilizou-se como referência temática os avanços em vacinas, antivirais, terapêutica e vigilância de patógenos emergentes e endemias, orientada pelos títulos dos trabalhos relacionados ao assunto.

Como critérios de inclusão, adotou-se o recorte temporal de 2016 a 2026, redigidos em inglês e português e com acesso gratuito ao texto completo. Foram excluídas revisões de literatura, artigos duplicados e com informações insuficientes para análise.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir do levantamento inicial, foram identificados 857 artigos no NCBI, 432 no GEMU, 21 no PubMed e 73 na Frontiers. Após a aplicação dos critérios de seleção, foram excluídos 623 artigos do NCBI, 341 do GEMU, 8 do PubMed e 32 da Frontiers. Na etapa seguinte, foram excluídos 196 artigos do NCBI, 52 do GEMU, 4 do PubMed e 16 da Frontiers por não apresentarem relação com a temática proposta após a análise dos títulos e resumos. Posteriormente, os estudos selecionados foram avaliados na íntegra, resultando na exclusão de 34 artigos do NCBI, 37 do GEMU, 2 do PubMed e 24 da Frontiers (Figura 1).

Subsequente às etapas de triagem e elegibilidade foram incluídos 14 artigos na presente revisão, sendo 4 provenientes do NCBI (28,6%), 2 do GEMU (14,3%), 7 do PubMed (50,0%) e 1 da Frontiers (7,1%).

Tabela 1: Representação do fluxograma PRISMA.

Fase	Descrição	NCBI (n)	GEMU (n)	PubMed (n)	Frontiers (n)	Total (n)
Identificação	Registros identificados nas bases de dados	857	432	21	73	1.383
Triagem	Registros remanescentes após a aplicação dos critérios de seleção	234	91	13	41	379
	Registros excluídos	623	341	8	32	1.004
Elegibilidade	Registros selecionados após análise de títulos e resumos	38	39	9	25	11
	Registros excluídos	196	52	4	16	268
Elegibilidade	Registros submetidos à avaliação do texto completo	38	39	9	25	111
	Registros excluídos	34	37	2	24	97
Inclusão	Artigos incorporados à revisão	4	2	7	1	14

Fonte: Autores, 2026.

A análise dos estudos selecionados evidenciou diferentes perspectivas sobre a emergência e disseminação dos vírus zoonóticos, abrangendo aspectos evolutivos, epidemiológicos, ambientais e moleculares. Entre esses aspectos, a compreensão dos mecanismos que favorecem a adaptação viral e a interação com os hospedeiros constitui um ponto fundamental para explicar o surgimento de novos agentes infecciosos e sua capacidade de disseminação (Quadro 1).

A lógica evolutiva e os fatores socioambientais

A compreensão da emergência e disseminação de vírus zoonóticos exige uma análise de seus mecanismos biológicos e de seu contexto epidemiológico para definir com maior precisão sua ocorrência. Sob a perspectiva evolutiva viral, que se comporta de forma independente em relação ao seu genoma, mesmo sendo dependendo da maquinaria celular da célula hospedeira para sua replicação, gerando uma “corrida armamentista” contínua (Koonin; Dolja; Krupovic, 2022).

A macroevolução viral é regida por uma lógica funcional na qual um pequeno conjunto de proteínas centrais que permitem a identificação de relações evolutivas, os vírus hallmark proteins (VHPs) descende de replicadores primordiais anteriores ao ancestral comum de toda a vida celular (*LUCA*) devido a um processo de replicação genômica, com o uso de RNA polimerase RNA-dependente (RdRP) e a transcriptase reversa (RT), por exemplo (Koonin; Dolja; Krupovic, 2022). As proteínas mais abundantes em capsídeos virais permitem a localização da distribuição filogenética dos traços virais. Além disso, os vírus capturam diretamente enzimas do hospedeiro (como DNA polimerases, helicases e ligases) ou apropriam-se de componentes de defesa do hospedeiro (“*guns for hire*”), reestruturando-os como mecanismos de contra defesa imunológica (Koonin; Dolja; Krupovic, 2022).

Paralelamente à flexibilidade genômica viral, a emergência de novos vírus patogênicos no cenário global é impulsionada por transformações biológicas, sociais e ecológicas. O rápido crescimento demográfico humano, o aumento das viagens e do comércio internacional, a urbanização acelerada, o desmatamento e as alterações no uso do solo reduzem as barreiras naturais entre os reservatórios silvestres e as populações humanas são alguns exemplos (Artika; Wiyatno; Ma’roef, 2020). Essa aproximação propicia o *spillover*, permitindo que patógenos habitualmente restritos à fauna silvestre passem a infectar humanos e animais domésticos (Artika; Wiyatno; Ma’roef, 2020).

Uma vez estabelecida a infecção no hospedeiro humano, a estabilidade e a dinâmica de transmissão interpessoal de vírus respiratórios e não vetoriais são fortemente condicionadas por fatores meteorológicos e microambientais (Pica; Bouvier, 2012). Parâmetros como umidade absoluta, temperatura, taxa de precipitação e fluxo de ar influenciam diretamente o tamanho das gotículas respiratórias, a viabilidade viral no ar e em superfícies. Em regiões temperadas, baixas taxas de umidade absoluta correlacionam-se com o início de surtos epidêmicos. Em contrapartida, regiões tropicais, picos de transmissão frequentemente coincidem com estações chuvosas ou alterações na ventilação de ambientes fechados (Pica; Bouvier, 2012).

Quadro 1: Principais ferramentas moleculares aplicadas à vigilância do vírus Nipah (NiV)

Ferramenta molecular	Principal aplicação	Contribuição para a vigilância do NiV
RT-PCR	Deteção do RNA viral.	Identificação do NiV em amostras clínicas e ambientais.
qPCR/RT-qPCR	Deteção e quantificação do RNA viral.	Diagnóstico molecular e detecção precoce de infecções.
Nested PCR	Amplificação de regiões específicas do genoma.	Aumento da sensibilidade e confirmação molecular.
LAMP	Amplificação isotérmica do material genético.	Potencial para detecção rápida e descentralizada.
Biossensores	Deteção de componentes virais.	Potencial para diagnóstico rápido.
CRISPR-Cas	Deteção de sequências específicas.	Potencial para diagnóstico molecular rápido e específico.
NGS	Sequenciamento de material genético.	Caracterização genética e investigação epidemiológica.
WGS	Sequenciamento completo do genoma.	Rastreamento da transmissão, caracterização genética e análise filogenética.
Metagenômica	Identificação de agentes em amostras complexas.	Deteção e caracterização viral sem depender exclusivamente de alvos predefinidos.
Sequenciamento por captura híbrida	Enriquecimento de sequências virais.	Facilitação da recuperação e caracterização do genoma viral.

Abreviações: NiV, vírus Nipah; RT-PCR, reação em cadeia da polimerase com transcrição reversa; qPCR, reação em cadeia da polimerase quantitativa; RT-qPCR, reação em cadeia da polimerase quantitativa com transcrição reversa; LAMP, amplificação isotérmica mediada por loop; CRISPR-Cas, repetições palindrômicas curtas agrupadas e regularmente interespaçadas associadas a proteínas Cas; NGS, sequenciamento de nova geração; WGS, sequenciamento de genoma completo. **Fonte:** Autores, 2026.

O Vírus Nipah como modelo de ameaça zoonótica para a Saúde Única

Dentro do espectro das zoonoses emergentes de alto impacto, o vírus Nipah (NiV) destaca-se como um modelo representativo da necessidade de uma abordagem integrada do tipo Saúde Única (*One Health*), unindo a saúde humana, animal e ambiental (Mishra; Prajapat; Nayak, 2024). O NiV é um vírus RNA envelopado de fita simples e sentido negativo pertencente à família *Paramyxoviridae*.

Devido à sua extrema patogenicidade, escassez de tratamentos específicos e elevada taxa de letalidade, o NiV é classificado como um patógeno de Nível de Biossegurança 4 (BSL-4) e Agente de Categoria C (Mishra; Prajapat; Nayak, 2024). Surtos epidêmicos de NiV têm sido registrados na Ásia desde a sua identificação inicial na Malásia e em Cingapura (1998–1999), seguidos por surtos recorrentes em Bangladesh e na Índia a partir de 2001 (Mishra; Prajapat; Nayak, 2024).

Três cepas virais circulam ativamente no Sudeste Asiático: NiV-Malaysia, NiV-Bangladesh e NiV-India. O ciclo epidemiológico do NiV envolve os morcegos frugívoros do gênero *Pteropus* como reservatórios naturais de infecção inaparente (Mishra; Prajapat; Nayak, 2024). A transmissão para humanos pode ocorrer: Devido ao contato direto

com secreções, tecidos ou excreções de morcegos infectados; Consumo de alimentos contaminados, destacando-se a seiva crua de palmeira (*date palm sap*) consumida em Bangladesh; Interação com hospedeiros amplificadores intermediários, como suínos (na Malásia) ou equinos (nas Filipinas); Transmissão interpessoal direta (humano-a-humano), documentada principalmente em ambientes hospitalares e no cuidado familiar nos surtos em Bangladesh e na Índia (Mishra; Prajapat; Nayak, 2024).

Clinicamente, a infecção humana pelo NiV apresenta um período de incubação de 2 semanas a 2 meses, manifestando-se por febre alta, cefaleia, mialgia e sintomas respiratórios que progridem rapidamente para uma encefalite aguda e grave. O comprometimento neurológico é marcado por meningite asséptica, disfunções do tronco cerebral, anormalidades nos reflexos oculares e mioclonias (Mishra; Prajapat; Nayak, 2024). Entre os sobreviventes, cerca de um terço apresenta sequelas neurológicas, cognitivas e psiquiátricas permanentes, além do risco de desenvolvimento de encefalite tardia ou relapsos anos após a infecção aguda inicial (Mishra; Prajapat; Nayak, 2024).

A destruição de ecossistemas florestais e as mudanças climáticas alteram a disponibilidade de alimentos para as colônias de *Pteropus*, forçando a migração desses morcegos. Essa dinâmica ecológica reforça a urgência de sistemas de vigilância baseados no conceito de *One Health*, nos quais o monitoramento sorológico e molecular contínuo de reservatórios animais e hospedeiros intermediários atue como um alarme precoce para conter eventos de *spillover* antes que atinjam proporções epidêmicas (Mishra; Prajapat; Nayak, 2024).

Avanços em diagnósticos moleculares

Métodos tradicionais, como o isolamento viral em cultura de tecidos e a sorologia, possuem limitações significativas em emergências sanitárias devido ao alto custo, morosidade e falta de sensibilidade na fase aguda da infecção. A Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e suas variações tornaram-se o padrão-ouro no diagnóstico de ácidos nucleicos virais (Artika; Wiyatno; Ma'roef, 2020).

Para vírus de RNA como o NiV, a Transcrição Reversa seguida de PCR (RT-PCR) é conduzida em etapas únicas (*one-step*) ou duplicadas (*two-step*), convertendo o RNA viral em cDNA para posterior amplificação. A PCR em Tempo Real (qPCR) com sondas fluorescentes (*molecular beacons*, TaqMan) permite a quantificação precisa da carga viral pelo ciclo de limiar (Artika; Wiyatno; Ma'roef, 2020). Variações aninhadas aumentam a sensibilidade em amostras com baixa carga viral ou alta interferência biológica, sendo aplicadas na detecção do vírus Nipah em excreções de morcegos e humanos. Tecnologias como amplificação isotérmica (LAMP), biossensores e CRISPR-Cas surgem como alternativas portáteis e ágeis para cenários com recursos limitados (Artika; Wiyatno; Ma'roef, 2020).

O Sequenciamento de Nova Geração (NGS) revolucionou a vigilância em saúde pública e a virologia clínica ao permitir a leitura do genoma completo (WGS), dividindo-se em três abordagens fundamentais: Metagenômica, que fundamentalmente é o sequenciamento direto e imparcial de todo o material genético da amostra; Sequenciamento por Amplicons de PCR, usufrui de primers específicos para amplificar o genoma em fragmentos; Captura por Hibridização (Target Enrichment), emprega sondas biotiniladas complementares para capturar seletivamente o genoma viral em tubo único (Houldcroft; Beale; Breuer, 2017).

Medidas profiláticas e terapêuticas: vacinas, antivirais e imunobiológicos

A infecção pelo vírus Nipah representa uma emergência de saúde pública devido à elevada letalidade e à ausência de tratamentos antivirais específicos ou vacinas aprovadas para uso humano amplo (Borges et al., 2025; Faus-Cotino, Reina e Pueyo, 2024; Mishra, Prajapat e Nayak, 2024). Entre os antivirais investigados, a ribavirina apresentou redução de 36% na mortalidade durante o surto inicial na Malásia, embora sua eficácia posterior tenha permanecido incerta (Faus-Cotino, Reina e Pueyo, 2024; Mishra, Prajapat e Nayak, 2024). Em contraste, remdesivir e favipiravir demonstraram proteção completa em modelos animais (Faus-Cotino, Reina e Pueyo, 2024; Mishra, Prajapat e Nayak, 2024; Wang et al., 2023). Outros compostos, como griffithsin, R1479, ALS-8112 e cloroquina, também apresentaram atividade antiviral em estudos experimentais (Mishra, Prajapat e Nayak, 2024).

Na imunoterapia pós-exposição, o anticorpo monoclonal m102.4 destaca-se por bloquear a ligação da glicoproteína G aos receptores efrina-B2 e B3, apresentando proteção *in vivo* e avanço para ensaios clínicos de Fase I (Faus-Cotino, Reina e Pueyo, 2024; Mishra, Prajapat e Nayak, 2024). Outros anticorpos permanecem em desenvolvimento pré-clínico (Faus-Cotino, Reina e Pueyo, 2024; Mishra, Prajapat e Nayak, 2024).

Quanto às estratégias profiláticas, limitações de biossegurança direcionaram as pesquisas para vacinas recombinantes, vetores virais, VLPs e mRNA (Faus-Cotino, Reina e Pueyo, 2024; Mishra, Prajapat e Nayak, 2024; Wang et al., 2023). Vetores baseados em vírus da estomatite vesicular, raiva, sarampo, adenovírus e canarypox demonstraram elevada imunogenicidade e proteção em modelos animais (Faus-Cotino, Reina e Pueyo, 2024; Mishra, Prajapat e Nayak, 2024; Wang et al., 2023). A vacina de mRNA-1215 avançou para ensaios clínicos de Fase I, enquanto VLPs de M, F e G induziram respostas protetoras em roedores (Faus-Cotino, Reina e Pueyo, 2024; Mishra, Prajapat e Nayak, 2024). Assim, antivirais, anticorpos monoclonais e novas plataformas vacinais constituem estratégias promissoras para o controle do NiV (Faus-Cotino, Reina e Pueyo, 2024; Mishra, Prajapat e Nayak, 2024; Wang et al., 2023).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Com isso, foi evidenciado a importância da vigilância molecular para a detecção, caracterização e monitoramento do vírus Nipah, destacando o papel de ferramentas como RT-PCR, qPCR e sequenciamento de genoma completo. Essas abordagens ampliam a capacidade de identificação do agente, análise de sua diversidade genética e investigação de padrões de transmissão, contribuindo para a detecção precoce e para respostas mais oportunas diante de eventos de emergência sanitária.

Os achados também reforçam que o enfrentamento do vírus Nipah requer uma abordagem integrada de Saúde Única, considerando a interação entre fatores humanos, animais e ambientais envolvidos na emergência e disseminação do agente. Diante do exposto, a associação entre vigilância molecular, monitoramento epidemiológico e desenvolvimento de estratégias profiláticas e terapêuticas mostra-se fundamental para fortalecer a preparação dos sistemas de saúde e reduzir os impactos de possíveis eventos de transmissão e disseminação do vírus.

REFERÊNCIAS

- BORGES, Cinthya dos Santos Cirqueira et al. Nipah virus infection: preparedness for the pathological diagnosis of an emerging Paramyxoviridae disease with epidemic potential. **Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo**, v. 67, p. e40, 2025.
- CHEN, Zhiyuan; PHILIPPE LEMEY; YU, Hongjie. Approaches and challenges to inferring the geographical source of infectious disease outbreaks using genomic data. **The Lancet Microbe**, v. 5, n. 1, p. e81-e92, 30 nov. 2023.
- DELLICOUR, Simon; ROSE, Rebecca; PYBUS, Oliver G. Explaining the geographic spread of emerging epidemics: a framework for comparing viral phylogenies and environmental landscape data. **BMC bioinformatics**, v. 17, n. 1, p. 82, 2016.
- FAUS-COTINO, Javier; REINA, Gabriel; PUEYO, Javier. Nipah virus: a multidimensional update. **Viruses**, v. 16, n. 2, p. 179, 2024.
- HOULDCROFT, C. J.; BEALE, M. A.; BREUER, J. Clinical and biological insights from viral genome sequencing. **Nature Reviews Microbiology**, v. 15, n. 3, p. 183–192, 1 mar. 2017.
- KOONIN, E. V.; DOLJA, V. V.; KRUPOVIC, M. The logic of virus evolution. **Cell Host & Microbe**, v. 30, n. 7, p. 917–929, jul. 2022.
- MADE, A. I.; WIYATNO, A.; NISA, Ma roef C. Pathogenic viruses: Molecular detection and characterization. **Infection, Genetics and Evolution**, v. 81, p. 104215, 1 jul. 2020.
- MADHUKALYA, Rishav et al. Nipah virus: pathogenesis, genome, diagnosis, and treatment. **Applied microbiology and biotechnology**, v. 109, n. 1, p. 158, 2025.
- MISHRA, G.; PRAJAPAT, V.; NAYAK, D. Advancements in Nipah virus treatment: Analysis

of current progress in vaccines, antivirals, and therapeutics. **Immunology**, v. 171, n. 2, 15 set. 2023.

PICA, N.; BOUVIER, N. M. Environmental factors affecting the transmission of respiratory viruses. **Current Opinion in Virology**, v. 2, n. 1, p. 90–95, fev. 2012.

PYBUS, Oliver G. et al. Unificando a epidemiologia espacial e a evolução molecular de epidemias emergentes. **Anais da Academia Nacional de Ciências**, v. 109, n. 37, p. 15066-15071, 2012.

STRUELENS, M. J. *et al.* Real-time genomic surveillance for enhanced control of infectious diseases and antimicrobial resistance. **Frontiers in science**, v. 2, 25 abr. 2024.

WANG, Limei et al. Nipah virus: Epidemiology, pathogenesis, treatment, and prevention. **Frontiers of medicine**, v. 18, n. 6, p. 969-987, 2024.

WANG, S. *et al.* Viral vectored vaccines: design, development, preventive and therapeutic applications in human diseases. **Signal Transduction and Targeted Therapy**, v. 8, n. 1, 7 abr. 2023.