
CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

GABRIEL APARECIDO GARCIA FAGIAN

**DINÂMICA DE TRANSMISSÃO DE DOENÇAS EM
AMBIENTES INSULARES: UMA REVISÃO
SISTEMÁTICA COMPREENSIVA**



Rio Claro - SP
2023

GABRIEL APARECIDO GARCIA FAGIAN

**DINÂMICA DE TRANSMISSÃO DE DOENÇAS EM AMBIENTES
INSULARES:
UMA REVISÃO SISTEMÁTICA COMPREENSIVA**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao
Instituto de Biociências – Câmpus de Rio Claro, da
Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita
Filho”, para obtenção do grau de Licenciado e
Bacharel em Ciências Biológicas

Orientador: Claudio José Von Zuben

Rio Claro - SP
2023

F155d

Fagian, Gabriel Aparecido Garcia

Dinâmica de transmissão de doenças em ambientes insulares : uma revisão sistemática abrangente / Gabriel Aparecido Garcia Fagian. -- Rio Claro, 2023
54 p.

Trabalho de conclusão de curso (Bacharelado e licenciatura - Ciências Biológicas) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Instituto de Biociências, Rio Claro

Orientador: Claudio José Von Zuben

1. Biologia. 2. Arboviroses. 3. Impacto antrópico. 4. Ilhas oceânicas. 5. Urbanização. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca do Instituto de Biociências, Rio Claro. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

GABRIEL APARECIDO GARCIA FAGIAN

**DINÂMICA DE TRANSMISSÃO DE DOENÇAS EM AMBIENTES
INSULARES:
UMA REVISÃO SISTEMÁTICA COMPREENSIVA**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao
Instituto de Biociências – Câmpus de Rio Claro, da
Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita
Filho”, para obtenção do grau de Licenciado e
Bacharel em Ciências Biológicas

BANCA EXAMINADORA:

Prof. Dr. Claudio José Von Zuben (orientador)

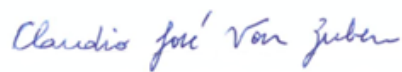
Ms. Aryel Camero Goes

Profa. Dra. Lara Durães Sette

Aprovado em: 9 de novembro de 2023



Assinatura do discente



Assinatura do(a) orientador(a)

Ao afagamento que fez o mar adentrar-me

AGRADECIMENTOS

Consolidar as experiências pelas quais fui atravessado é ressaltar o quanto posso me surpreender pela forma como as coisas confluíram. Ao iniciar a trajetória acadêmica, vivenciei diversos momentos nos quais questionava-me sobre a escolha que havia feito, a avaliando como incoerente. Todavia, além desses questionamentos terem proporcionado uma rotina junto a pessoas com quem não possuo mais interações e determinado espaços importantes como fúteis, também permitiram a minha apropriação pelo meu “eu”.

Essa instituição pública fez com que eu enxergasse a realidade por outra perspectiva e conhecesse o amor em todo o seu significado. Participei das atividades do câmpus, fui privado da convivência pela COVID-19 e retornei expectando um desligamento que se instaurou mês após mês. Ainda assim, sustentei tantos contextos sociais que, até hoje, surpreendem-me pela despersonalização que causam.

A despersonalização sintetiza esse complexo trajeto pelo qual passei expectando o desvinculamento desse espaço, mas o desejo de desligar-me de algo que me aproximou do ideal que criei ao percorrer os corredores da UNESP, agora, mostra-se insuficiente. Através da consciência desse ideal percebi o quanto essa instituição fez por mim. Por ela, conheci o Parque Estadual da Ilha Anchieta – onde enxerguei tudo o que o “eu” ingressante esperava que o fizesse.

Foi esse patrimônio histórico-natural que me incentivou a explorar os ambientes insulares e compreender a vastidão dos ecossistemas marinhos. Não apenas a ter a dimensão de como um Biólogo consegue se apropriar pela observação do espaço – analisando seus relictos e contribuições a um passado que exprime o presente –, como também a fazer o possível para aproveitá-lo e perpetuá-lo aos outros.

Ser o primeiro, entre membros familiares, a concluir essa etapa acadêmica em uma instituição pública é uma honra e um privilégio. Além dessa graciosidade, consegui experienciar inúmeras descobertas, as quais transformaram-me e ainda permitem a construção do alter ego ideal. Espero conseguir observar os relictos desse período.

A verdadeira culpa, podemos argumentar, não é o medo da ira dos pais, ou da perda do seu amor. A verdadeira culpa, podemos dizer, é o medo da ira da consciência, a perda do amor dessa consciência (Viorst, J., 2005, p. 122).

RESUMO

Considerando o efeito antrópico na alteração das paisagens naturais e em suas interconectividades, ao avaliar-se as Doenças Emergentes observamos como a urbanização e o uso do espaço pelo *Homo sapiens* contribuíram para que a espécie se inserisse na espiral de circulação de seus agentes patógenos. Os ambientes insulares são clássicos para os estudos biogeográficos que, em uma de suas subáreas, avaliam a prevalência dos patógenos em populações hospedeiras, sendo determinantes para mitigar a transmissão de doenças de hospedeiros silvestres para humanos. Com isso, essa revisão sistemática compreensiva teve como objetivo investigar as dinâmicas de transmissão de doenças em ilhas, já que são superfícies terrestres limitadas pela água e possuem ecossistemas relativamente homogêneos. Esses espaços têm baixa riqueza de espécies e, comumente, altos níveis de endemismo, de modo que as comunidades de predadores geralmente são conhecidas, assim como a produtividade primária, o habitat, o perímetro e o relevo podem ser quantificados objetivamente para prever seus efeitos na abundância dos hospedeiros silvestres e vetores. O conhecimento sobre essas características pode permitir a compreensão a respeito das dinâmicas de transmissão de doenças, a qual mostra-se necessária tanto por conta da ocupação e utilização das ilhas pelo *Homo sapiens* - para fins turísticos e comerciais - quanto pelo comportamento de espécies migratórias que auxiliam na dispersão dos patógenos. Considerando o objetivo da investigação, verificamos como que as migrações humanas e o tráfego marítimo relacionado à comercialização de produtos e ao tráfico de escravos foram uns dos fatores mais proeminentes que consolidaram a disseminação de vetores capazes de causar as arboviroses que acometem, principalmente, os países tropicais. Além disso, verificamos como o aumento das temperaturas assume um caráter sistêmico no que tange as reações em cascata relacionadas à intensificação do *El Niño-Southern Oscillation* (ENSO), ao aumento dos níveis dos oceanos e às alterações nas dinâmicas de transmissão de diversas doenças.

Palavras-chave: arboviroses; comercialização; impacto antrópico; ilhas oceânicas; urbanização.

ABSTRACT

Considering the anthropic effect on the alteration of natural landscapes and their interconnectivities, when evaluating Emerging Diseases, we observe how urbanization and the use of space by *Homo sapiens* have contributed to the species becoming involved in the circulation spiral of its pathogenic agents. Insular environments are classic for biogeographical studies that, in one of their subareas, assess the prevalence of pathogens in host populations, being crucial to mitigate the transmission of diseases from wild hosts to humans. Thus, this comprehensive systematic review aimed to investigate the dynamics of disease transmission on islands, as they are land surfaces limited by water and have relatively homogeneous ecosystems. These spaces have low species richness and commonly high levels of endemism, so that predator communities are generally known, as well as primary productivity, habitat, perimeter, and relief can be objectively quantified to predict their effects on the abundance of wild hosts and vectors. Knowledge of these characteristics can enable understanding of disease transmission dynamics, which is necessary due to both the occupation and use of islands by *Homo sapiens* for tourism and commerce, and the behavior of migratory species that assist in the spread of pathogens. Considering the research objective, we found that human migrations and maritime traffic related to the trade of products and slave trafficking were among the most prominent factors that consolidated the spread of vectors capable of causing arboviruses, especially in tropical countries. Furthermore, we observed how rising temperatures take on a systemic character concerning cascading reactions related to the intensification of the El Niño-Southern Oscillation (ENSO), rising ocean levels, and changes in the transmission dynamics of various diseases.

Keywords: anthropic impact; arboviruses; oceanic islands; trade; urbanization.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	9
2	OBJETIVOS	10
3	MATERIAIS E MÉTODOS.....	11
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	12
4.1	Arboviroses.....	14
4.2	Hemosporídeos aviários	25
4.2.1	<i>Malária aviária</i>	26
4.3	Aspectos geomorfológicos associados às dinâmicas de transmissão	29
4.4	Doenças com importância agropecuária.....	30
4.5	Doenças transmitidas por carrapatos	33
4.6	Impacto antrópico associado a ilhas	35
5	CONSIDERAÇÕES FINAIS	44
	REFERÊNCIAS	45

1 INTRODUÇÃO

Ao considerarmos os estudos relacionados a doenças humanas, necessitamos compreender que podem ser definidos como condições, estados ou processos que ocorrem em nosso organismo, de modo que nossas estruturas funcionais sejam impactadas tanto quanto o nosso bem-estar e a nossa qualidade de vida (Defaye *et al.*, 2022; Lee; Lim, 2007). Por esse aspecto, depreende-se as Doenças Emergentes, as quais são resultantes das relações do *Homo sapiens* com o espaço que ocupa nos ecossistemas naturais (Pignatti, 2004).

Essa relação entre o ambiente natural e o aparecimento de doenças humanas foi inicialmente explicitada pela teoria da nidalidade de Pavlovsky, em 1939, na qual os agentes etiológicos desenvolveram-se em ambientes definidos com condições ideais para sua perpetuação, tendo o *Homo sapiens* como componente da espiral de circulação dos agentes a partir do momento que adentrou esses espaços (Pavlovsky, 1966; Pignatti, 2004).

Com o desenvolvimento das cidades no século XIX, durante a Revolução Industrial, os ecossistemas naturais alteraram-se pelo impacto antrópico gerando o estresse ecológico como produto (Pignatti, 2004). Esse estresse modificou não somente a configuração das paisagens como também a interconectividade entre elas, comumente eliminando habitats ou fragmentando-os pelas perdas de espécies ou implicações funcionais ecossistêmicas, através da urbanização (Kessler *et al.*, 2018; Lin *et al.*, 2021).

Nesse sentido, o espaço assume uma categoria de análise para compreendermos as dinâmicas de transmissão de diversas doenças infecciosas (Silva, 1997). A sua clássica contextualização na epidemiologia o determina como substrato o qual – através de fenômenos naturais – implica sua influência, sendo um espectador não participante, imutável e estático (Sabroza *et al.*, 1995).

Esse conceito, para a geografia, insere, além dos componentes naturais, os sociais pela totalidade, dividindo o espaço em natural (intocado pelo *Homo sapiens*, ou seja, não utilizado pelas sociedades humanas); percorrido (o qual não presume exploração antrópica); e organizado (alterado pelas sociedades) (Silva, 1997). Assim, quando observamos o isolamento geográfico das ilhas oceânicas, que geralmente são limitadas pela água e possuem ecossistemas relativamente

homogêneos, nos é apresentada uma baixa riqueza de espécies e, comumente, altos níveis de endemismo (Tortosa *et al.*, 2012).

São nesses espaços insulares que conseguimos observar os modelos para estudos biogeográficos, assim como o entendimento a respeito da prevalência dos patógenos em populações hospedeiras, o qual é determinante para mitigar a transmissão de doenças infecciosas de hospedeiros silvestres para humanos, uma vez que as comunidades de predadores geralmente são conhecidas, assim como a produtividade primária, o habitat, o perímetro e o relevo podem ser quantificados objetivamente para prever seus efeitos na abundância dos hospedeiros silvestres, por exemplo (Jenk, 2023; Orrock; Allan; Drost, 2011; Reperant, 2010).

Além disso, pela teoria da biogeografia de ilhas, proposta inicialmente por MacArthur e Wilson (1967), analisa-se como as doenças infecciosas relacionam-se pelas interações entre espécies vetoras e hospedeiros definitivos e intermediários, considerando os fatores que corroboram para a perpetuação de patógenos emergentes, tais como a degradação dos ecossistemas e o avanço da urbanização – avaliada por fatores espécies-área (Reperant, 2010).

Com isso, estabelecer-se-á uma revisão sistemática abrangente a respeito das dinâmicas de transmissão de doenças em ambientes insulares, uma vez que o entendimento sobre a temática mostra-se necessário tanto pelas características dos ambientes e das ocupações e utilizações desses pelo *Homo sapiens* - para fins turísticos e comerciais - quanto pelo comportamento de espécies migratórias que auxiliam na dispersão dos patógenos (Tortosa *et al.*, 2012).

2 OBJETIVOS

Dentre os objetivos principais desse estudo de revisão bibliográfica, destaca-se a revisão sistemática abrangente para que consigamos elucidar como ocorrem as dinâmicas de transmissão de doenças em ilhas oceânicas, já que são consideradas modelos para pesquisas biogeográficas por apresentarem espécies endêmicas que interagem com os patógenos e são afetadas quando ocorre um desequilíbrio populacional por interferências externas.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

A revisão bibliográfica correspondente foi sistemática abrangente a qual evidencia os resultados da busca de modo qualitativo e quantitativo, considerando pesquisas por palavras-chave e a condução de forma replicável (Crowther; Lim, 2010). Além disso, outros materiais foram utilizados para fomentar a discussão a respeito do tema, a fim de explicar como o *Homo sapiens* se inseriu na espiral de circulação dos patógenos emergentes através da urbanização (Pignatti, 2004).

As principais plataformas de busca utilizadas para a pesquisa por termos de indexação foram representadas pelo Google Acadêmico, PubMed, Periódico Capes e Scopus. Além disso, a pesquisa e a construção do material foram feitas desconsiderando o “fator tempo”, ou seja, inserindo os materiais publicados em quaisquer anos através da busca por termos de indexação, apenas, em inglês para abranger o maior número de recursos científicos, de modo que as palavras-chave correspondentes fossem: *insular environments*, *transmission dynamics*, *vectors*, *hosts*, *continental islands* e *oceanic islands*, tendo como critério de exclusão a ausência de menção a ambientes insulares e doenças. Considerou-se, também, o filtro “artigos de revisão”, na plataforma Google Acadêmico, para que conseguíssemos afunilar as análises.

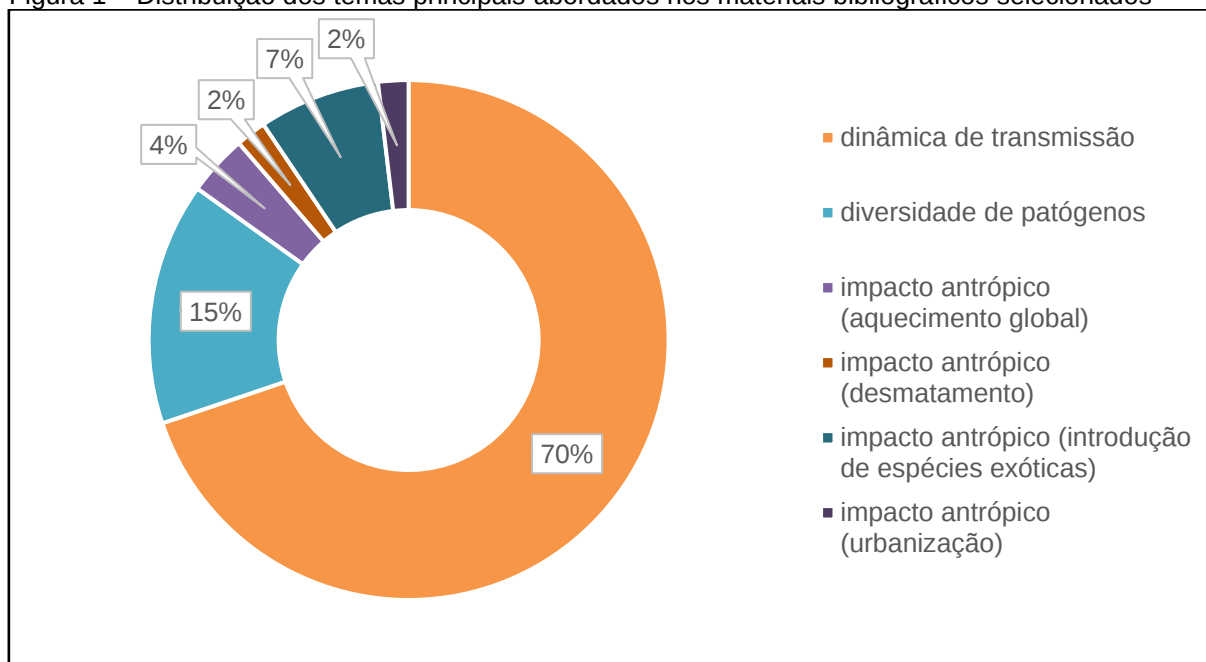
A pesquisa bibliográfica iniciou-se no dia 26 de junho de 2023, através da busca pelas palavras-chave, finalizando-se em 11 de julho de 2023. Ao realizar-se essas leituras observamos que a análise dos resumos como critério de inclusão seria insuficiente para englobarmos o material como referência, o que nos permitiu considerar outros critérios para realizarmos a seleção.

Esses referiram-se à busca sistemática pelos termos *island* e *disease* nos materiais com resumos inconsistentes. Dessa forma, a escolha viabilizou-se através das leituras que mencionassem ao menos patógenos associados aos ambientes insulares, para que discutíssemos a dinâmica de transmissão. Considerou-se, também, os recursos que traziam perspectivas sobre as ameaças enfrentadas por esses espaços com altas taxas de endemismo, uma vez que uma das análises propostas por essa revisão refere-se ao impacto antrópico. Assim, inserimos os trabalhos que complementaríamos a discussão.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Considerando os critérios de exclusão e inclusão, encontramos um montante de material equivalente a 129, desconsiderando as duplicações. Esse material foi selecionado através das leituras dos resumos e das buscas através dos termos *island* e *disease* ao longo da redação, fazendo com que trabalhássemos com 53 – que foram categorizados pelos gráficos das Figuras 1 e 2 –, os quais incluíam artigos científicos e dissertações, que não foram descartadas por terem trechos relevantes à construção da revisão bibliográfica compreensiva.

Figura 1 – Distribuição dos temas principais abordados nos materiais bibliográficos selecionados



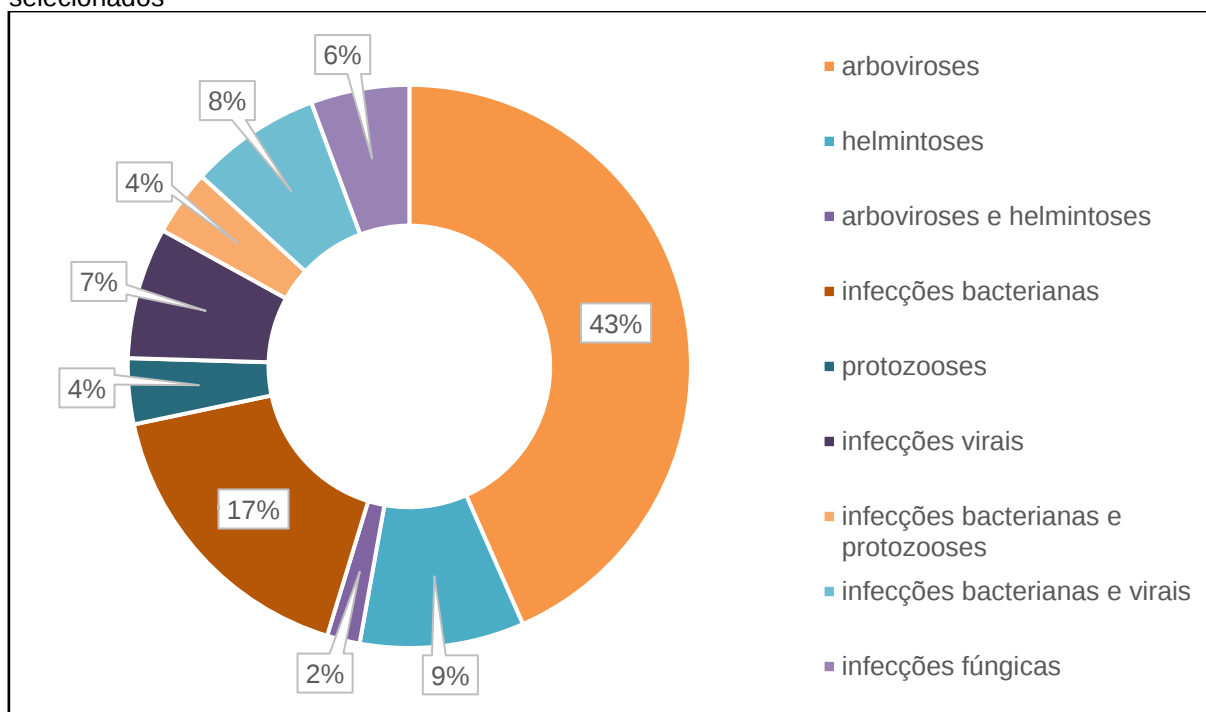
Fonte: elaborado pelo Autor (2023).

As leituras elucidaram aspectos relacionados às dinâmicas de transmissão das arboviroses e de infecções bacterianas, majoritariamente, discutindo sobre os motivos que determinaram a ocorrência dos patógenos e a identificação dos casos em ambientes insulares. Ainda assim, 15% dos materiais apresentaram apenas quais agentes etiológicos estão vinculados a esses ambientes aquáticos, destacando poucas considerações a respeito de suas disseminações.

Os ambientes insulares são particulares por terem altos níveis de endemismo e baixa diversidade – ao compararmos aos ambientes continentais –, assim, considerando os impactos antrópicos como um dos mais proeminentes para a continuidade de doenças emergentes, as ilhas oceânicas promovem um espaço

para compreendermos as relações entre os hospedeiros e os parasitos, por serem sensíveis aos desequilíbrios ambientais e terem sistemas biológicos que facilitam o entendimento sobre aspectos epidemiológicos complexos. (Clark; Clegg; Lima, 2014; Smith; Guégan, 2010; Tortosa *et al.*, 2012). Além disso, esses espaços tropicais possuem acesso limitado aos recursos associados à saúde pública e são influenciados pela movimentação turística e pela comercialização de bens através das rotas de navios (Gillespie; Claridge; Goodacre, 2008; Mavian *et al.*, 2019; Torchin; Lafferty; Kuris, 2002; Work, 1967).

Figura 2 – Principais tipos de doenças e infecções abordadas nos materiais bibliográficos selecionados



Fonte: elaborado pelo Autor (2023).

Por essa perspectiva, os estudos aplicam-se para investigarmos a complexidade dessas dinâmicas de transmissão, as quais podem ser tanto diferenciadas em relação ao contato parasito-hospedeiro – em decorrência do isolamento geográfico – como também determinantes pelas respostas exógenas (variações climáticas sazonais ou particularidades geomorfológicas) e endógenas (ciclos de vida dos patógenos), fazendo com que cada interação entre os organismos seja avaliada (Rupprecht *et al.*, 2023). A partir disso, a avaliação dessas dinâmicas apresenta-se ideal em ilhas oceânicas por serem sistemas biológicos limitados:

One method for understanding aspects of the associated complexity is to investigate regions of the globe where hypotheses can be tested within a relatively simplified or limited biological system. Insular ecosystems such as those of oceanic islands are optimal zones for these investigations (Tortosa et al., 2012, p. 1334).

Esses fatores possibilitam análises simplificadas a respeito dos táxons nativos, uma vez que esses espaços também possuem pouca riqueza de espécies, as quais podem se associar aos processos de coevolução dos patógenos, permitindo as especificidades da virulência nos ambientes insulares (Tortosa et al., 2012; Welburn; Maudlin, 2012). Estimam-se que, além das altas taxas de endemismo, as regiões insulares possuem números elevados de microrganismos associados às protozooses e às doenças infecciosas, assim como estão mais propensas às invasões biológicas por espécies introduzidas, como observam pelas Ilhas da Polinésia Francesa (Gillespie; Claridge; Goodacre, 2008; Morgan et al., 2021).

Pelo Quadro 1, sintetizamos as principais informações coletadas, através das leituras, trazendo as regiões insulares – às quais as doenças e infecções estão associadas – e os aspectos relacionados as suas dinâmicas de transmissão que permitem a ocorrência nesses espaços.

4.1 Arboviroses

A capacidade das arboviroses causarem epidemias sensíveis à saúde humana, por exemplo, relaciona-se com a interação interespecífica entre *Homo sapiens* e espécies de artrópodes capazes de transmitir doenças que possuem os vírus como agentes etiológicos. Esses artrópodes podem atuar como reservatórios, os quais estabelecem a manutenção dos arbovírus, ou ser incompatíveis para a replicação e transmissão do patógeno, determinando a possível adaptação dos agentes etiológicos aos vetores, como observamos nas ilhas do sudoeste do Oceano Índico durante a epidemia de Chikungunya (Goubert et al., 2016; Mavian et al., 2019; Schuffenecker et al., 2006; Tortosa et al., 2012).

Após os primeiros registros presentes na Ásia, em 1958, observaram-se casos no Arquipélago da Indonésia e nas Filipinas. O vírus surge em outras regiões insulares do Oceano Índico, com casos da doença notificados nas Ilhas Comoros, em 2005, e nas Ilhas Mayotte, Seychelles, Réunion e Mauritius, além de alguns casos localizados em Madagascar (Mavian et al., 2019; Schuffenecker et al., 2006).

Por análises filogenéticas, resultantes do sequenciamento de glicoproteínas E1 provenientes de pacientes dessas ilhas, Schuffenecker e colaboradores (2006) constataram a homogeneidade de um clado para os ambientes insulares, o qual relaciona-se com as cepas das regiões leste-, central- e sul-africanas – *East, Central and South Africa* (ECSA), do inglês –, sugerindo que as migrações humanas entre a África Oriental e as Ilhas Comoros tenham introduzido o agente etiológico e incitado a transmissão da arbovirose nesses espaços (Mavian *et al.*, 2019). As regiões das Ilhas do Oceano Índico afetadas pelo vírus CHIKV (agente etiológico da Chikungunya), nas quais observaram a transmissão dessa linhagem ECSA, foram determinantes para o surgimento de uma mutação que favoreceu a adaptação do vírus ao *Aedes albopictus*, o estabelecendo como vetor em outros ecossistemas insulares (Aguirre-Obando; Navarro-Silva, 2017; Mavian *et al.*, 2019).

O *A. albopictus*, assim, assume importância secundária pela transmissão das arboviroses. O principal mecanismo associado à invasão da espécie relaciona-se com a ação antrópica, através da mercantilização, a qual consolidou o vetor nas Ilhas do Oceano Índico, incluindo Madagascar e as Ilhas La Réunion, Mayotte, Mauritius, Rodrigue, Seychelles e Comoros, assim como as Ilhas do Havaí, fazendo com que observassem – através dos sequenciamentos dos vírus – como as linhagens eram características das regiões insulares (Aguirre-Obando; Navarro-Silva, 2017; Frenot *et al.*, 2005; Goubert *et al.*, 2016).

Proveniente da África, também, a Zika Vírus – ocasionada pelo vírus ZIKV – foi observada nas Ilhas do Caribe, fazendo com que os habitats insulares fossem considerados como potenciais eixos para a emergência das arboviroses, facilitando a dispersão para regiões continentais, intensificando as epidemias globais e as mutações dos vírus (Cao-Lormeau, 2016; Mavian *et al.*, 2019). As Ilhas do Pacífico, nesse aspecto, tiveram alta incidência do ZIKV – especialmente a Ilha Yap por conta da falta de imunidade da população local (Mavian *et al.*, 2019).

Além da Chikungunya, podemos discorrer sobre a Dengue nas Ilhas do Pacífico (Basu; Bhattacharya, 2016; Gillespie; Claridge; Goodacre, 2008; Smith; Guégan, 2010). Composta por mais de cem ilhas, a Polinésia Francesa experienciou algumas epidemias da arbovirose a partir dos anos 2000, todavia, apesar dos quatro sorotipos (DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4) terem sido reportados na região, a

Quadro 1 – Síntese das doenças e infecções encontradas em ambientes insulares

(continua)

Região insular	Doenças e infecções associadas	Dinâmica de transmissão	Referências
Oceano Índico	Comoros	Chikungunya	Aguirre-Obando; Navarro-Silva, 2017; Goubert <i>et al.</i> , 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Schuffenecker <i>et al.</i> , 2006; Tortosa <i>et al.</i> , 2012
		RVF	Smith; Guégan, 2010
		Cólera	Fornecimento de água inadequado e água de lastro
		CMD	Migrações humanas, longas distâncias do fluxo gênico e dispersão do vetor
		Babesiose Cerebral e Anaplasmosse	Barré; Uilenberg, 2010
		Erlíquiose	
	Mayotte	Chikungunya	Aguirre-Obando; Navarro-Silva, 2017; Goubert <i>et al.</i> , 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Schuffenecker <i>et al.</i> , 2006; Tortosa <i>et al.</i> , 2012
		RVF	Mavian <i>et al.</i> , 2019; Sissoko <i>et al.</i> , 2009
		Leptospirose	Dietrich <i>et al.</i> , 2018; Ramanantsalama <i>et al.</i> , 2022
	Seychelles	Chikungunya	Aguirre-Obando; Navarro-Silva, 2017; Goubert <i>et al.</i> , 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Schuffenecker <i>et al.</i> , 2006; Tortosa <i>et al.</i> , 2012

(continua)

Região insular	Doenças e infecções associadas	Dinâmica de transmissão	Referências
Oceano Índico	Seychelles	CMD	Barro <i>et al.</i> , 2011; Hadjistyli; Brown; Roderick, 2010; Jacobson; Duffy; Sseruwagi, 2018; Malathi; Devi, 2019; Péréfarres <i>et al.</i> , 2012
		SINV	Mavian <i>et al.</i> , 2019
		Leptospirose	Dietrich <i>et al.</i> , 2018; Ramanantsalama <i>et al.</i> , 2022
	Réunion	Chikungunya	Aguirre-Obando; Navarro-Silva, 2017; Goubert <i>et al.</i> , 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Schuffenecker <i>et al.</i> , 2006; Tortosa <i>et al.</i> , 2012
		CMD	Barro <i>et al.</i> , 2011; Hadjistyli; Brown; Roderick, 2010; Jacobson; Duffy; Sseruwagi, 2018; Malathi; Devi, 2019; Péréfarres <i>et al.</i> , 2012
		TYLCV	<i>Invasive Bridgehead Effect</i> – Efeito de Cabeça de Ponte Invasora Khan; Ji; Chun, 2012; Péréfarres <i>et al.</i> , 2012
	Mauritius	Chikungunya	Aguirre-Obando; Navarro-Silva, 2017; Goubert <i>et al.</i> , 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Schuffenecker <i>et al.</i> , 2006; Tortosa <i>et al.</i> , 2012
		Malária aviária	Comercialização de produtos com Madagascar Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012; Hamoudi; Sachs, 1999
	Rodrigue	Chikungunya	Aguirre-Obando; Navarro-Silva, 2017; Goubert <i>et al.</i> , 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Schuffenecker <i>et al.</i> , 2006; Tortosa <i>et al.</i> , 2012

(continua)

Região insular	Doenças e infecções associadas	Dinâmica de transmissão	Referências
Oceano Índico	Madagascar	Babesiose Cerebral e Anaplasmosse	Barré; Uilenberg, 2010
		CMD	Barro <i>et al.</i> , 2011; Hadjistrylli; Brown; Roderick, 2010; Jacobson; Duffy; Sseruwagi, 2018; Malathi; Devi, 2019; Péréfarres <i>et al.</i> , 2012
		Erlíquiose	Barré; Uilenberg, 2010
		Cólera	Rebaudet <i>et al.</i> , 2013
		Peste Bubônica	Kosoy <i>et al.</i> , 2015
	Ilhas Esparsas	Influenza Aviária A	McCoy <i>et al.</i> , 2016
		Rickettsioses	
	Timor-Leste	ASFV	GARA, 2022
	Mascarenhas	Babesiose Cerebral e Anaplasmosse	Barré; Uilenberg, 2010
		Erlíquiose	
	Sri Lanka	Doença das Ovelhas de Nairobi	Krasteva <i>et al.</i> , 2020
	Ilha Marion	Podridão cinzenta	Frenot <i>et al.</i> , 2005
	Ilha do Kanguru	Toxoplasmose	Duffy; Capece, 2012
	Arquipélago de Zanzibar	Cólera	Rebaudet <i>et al.</i> , 2013
Oceano Pacífico	Polinésia Francesa	Dengue	Basu; Bhattacharya, 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Tortosa <i>et al.</i> , 2012
		Anemia hemolítica	McCoy <i>et al.</i> , 2016; Valkiunas, 2005
		Malária aviária	Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012

(continua)

Região insular		Doenças e infecções associadas	Dinâmica de transmissão	Referências
Oceano Pacífico	Polinésia Francesa	Babesiose Cerebral e Anaplasmosse	Transporte de gado com ectoparasitas	Barré; Uilenberg, 2010
		Angiostrongilíase	Tráfego marítimo	Morgan <i>et al.</i> , 2021
	Windward	Dengue	Não exemplificado	Gillespie; Claridge; Goodacre, 2008; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Tortosa <i>et al.</i> , 2012
	Leeward			
	Tahiti			
	Indonésia	Chikungunya	Migrações humanas e mercantilização	Aguirre-Obando; Navarro-Silva, 2017; Goubert <i>et al.</i> , 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Schuffenecker <i>et al.</i> , 2006; Tortosa <i>et al.</i> , 2012
		Encefalite	Fragmentação de habitats pelo desmatamento	Kessler <i>et al.</i> , 2018; Ramanantsalama <i>et al.</i> , 2022
		ASFV	Escasso controle epidemiológico pelo comércio de carnes	GARA, 2022
		Peste Bubônica	Tráfego marítimo (introdução do hospedeiro)	Kosoy <i>et al.</i> , 2015
	Filipinas	Chikungunya	Migrações humanas e mercantilização	Aguirre-Obando; Navarro-Silva, 2017; Goubert <i>et al.</i> , 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Schuffenecker <i>et al.</i> , 2006; Tortosa <i>et al.</i> , 2012
		Encefalite	Fragmentação de habitats pelo desmatamento	Kessler <i>et al.</i> , 2018; Ramanantsalama <i>et al.</i> , 2022
		Toxoplasmose	Introdução do gato doméstico (<i>Felis catus</i>)	Duffy; Capece, 2012
		Leptospirose	Não exemplificado	Kosoy <i>et al.</i> , 2015
	Ilha Yap	Zika vírus	Falta de imunidade da comunidade local	Mavian <i>et al.</i> , 2019

(continua)

Região insular		Doenças e infecções associadas	Dinâmica de transmissão	Referências
Oceano Pacífico	Solomon	RRV	Caso importado da Austrália	Klapsing <i>et al.</i> , 2005; Prahalad <i>et al.</i> , 2020
	Havaí	Chikungunya	Migrações humanas e mercantilização	Aguirre-Obando; Navarro-Silva, 2017; Goubert <i>et al.</i> , 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Schuffenecker <i>et al.</i> , 2006; Tortosa <i>et al.</i> , 2012
		Anemia hemolítica	Poucos casos em decorrência de poucos vetores apropriados	McCoy <i>et al.</i> , 2016; Valkiunas, 2005
		Malária aviária	Introdução de hospedeiros infectados e aspectos geomorfológicos; geomorfologia aumenta casos	Howe <i>et al.</i> , 2012; Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012
		Toxoplasmose	Introdução do gato doméstico (<i>Felis catus</i>)	Duffy; Capece, 2012
		Febre de Kawasaki	Ventos trans-Pacífico	Tong <i>et al.</i> , 2023
		Angiostrongilíase	Tráfego marítimo	Morgan <i>et al.</i> , 2021
	Nova Zelândia	Anemia hemolítica	Não exemplificado	McCoy <i>et al.</i> , 2016; Valkiunas, 2005
		Malária aviária	Introdução de hospedeiros infectados	Howe <i>et al.</i> , 2012; Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012
		<i>Kauri dieback</i>	Importação de mudas	Jung <i>et al.</i> , 2018
	Galápagos	Malária aviária	Não exemplificado	Howe <i>et al.</i> , 2012; Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012
	Ilhas Marquesas			
	Papua-Nova Guiné	ASFV	Escasso controle epidemiológico pelo comércio de carnes	GARA, 2022
	Nova Caledônia	Babesiose Cerebral e Anaplasmosse	Transporte de gado com ectoparasitas	Barré; Uilenberg, 2010
	Round Island	Leptospirose	Contato com reservatórios naturais	Kosoy <i>et al.</i> , 2015
	Atóis de Carolina	Toxoplasmose	Introdução do gato doméstico (<i>Felis catus</i>)	Duffy; Capece, 2012
	Ilhas Canárias	Angiostrongilíase	Tráfego marítimo	Morgan <i>et al.</i> , 2021

(continua)

Região insular		Doenças e infecções associadas	Dinâmica de transmissão	Referências
Oceano Atlântico	Caribe	Zika vírus	Não exemplificado	Cao-Lormeau, 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019
		WNV	Aves migratórias	Burroughs; Knobler; Lederberg, 2002; Mavian <i>et al.</i> , 2019
		Dengue	Intensa movimentação humana (aspecto turístico)	Basu; Bhattacharya, 2016; Mavian <i>et al.</i> , 2019; Tortosa <i>et al.</i> , 2012
		TYLCV	<i>Invasive Bridgehead Effect</i> – Efeito de Cabeça de Ponte Invasora	Khan; Ji; Chun, 2012; Péréfarres <i>et al.</i> , 2012
		ASFV	Escasso controle epidemiológico pelo comércio de carnes	GARA, 2022
		Fasciolose	Introdução do hospedeiro intermediário	Alba; Vazquez; Hurtrez-Boussès, 2021; Mas-Coma; Valero; Bargues, 2009, 2018, 2022
		Erlíquiose	Comércio de gado	Barré; Uilenberg, 2010
	<i>Long Island</i>	WNV	Não exemplificado	Burroughs; Knobler; Lederberg, 2002; Mavian <i>et al.</i> , 2019
	Ilhas Bijagós	Cólera	Aquecimento da superfície oceânica	Rebaudet <i>et al.</i> , 2013
	São Tomé e Príncipe	Cólera		
	Ilhas Virgens Americanas	WBD		Kline; Vollmer, 2011; Moulding; Ladd, 2022
	Trindade	Salmonelose	Não exemplificado	Kosoy <i>et al.</i> , 2015
	Ilha da Madeira	Borreliose		
	Ilha de Monhegan	Borreliose		
Oceano Antártico	Tasmânia	RRV	Cangurus como amplificadores da infecção	Klapsing <i>et al.</i> , 2005; Prahalad <i>et al.</i> , 2020

(conclusão)

Região insular		Doenças e infecções associadas	Dinâmica de transmissão	Referências
Oceano Antártico	Cabo Verde	Cólera	Fornecimento de água inadequado e aquecimento da superfície oceânica	Rebaudet <i>et al.</i> , 2013
Mar Mediterrâneo	Antikythera	Rickettsioses	Aves migratórias com ectoparasitas	Defaye <i>et al.</i> , 2022; Guccione <i>et al.</i> , 2021; Labuda; Nuttall, 2004
	Capri			
	Chipre			
	Pianoza			
	Ponza			

Fonte: elaborado pelo Autor (2023).

co-circulação dos vírus não foi observada, ao contrário das Ilhas do Caribe – as quais podem ser consideradas como uma extensão do continente americano por terem curtas distâncias entre os espaços insulares e uma intensa movimentação humana – onde já consolidaram a transmissão simultânea dos quatro sorotipos (Basu; Bhattacharya, 2016; Mavian *et al.*, 2019; Tortosa *et al.*, 2012).

As Ilhas Windward e Leeward apresentaram os sorotipos DENV-1 e DENV-4, respectivamente – sendo esse último filogeneticamente distante dos que circulam por outras regiões do mundo –, considerando a microevolução do DENV-1 ao apresentar substituições em dois nucleotídeos da proteína codificadora E, fixadas durante um período endêmico no qual observaram a mutação K363R como um sinal de adaptação ao *Aedes polynesienses* em ilhas menos urbanizadas da Polinésia Francesa, não constatada em Tahiti, por exemplo, onde predomina o *Aedes aegypti* como vetor (Gillespie; Claridge; Goodacre, 2008; Mavian *et al.*, 2019; Tortosa *et al.*, 2012).

Evidencia-se a pesquisa bibliográfica realizada por Mavian e colaboradores (2019), a qual discutiu como as regiões insulares do Oceano Índico e Pacífico, assim como as do Havaí, são afetadas pelas arboviroses. Em seus resultados, pontuaram os estudos sorológicos os quais evidenciavam o *Rift Valley Fever* (RVF), o *Sindbis virus* (SINV) e o *West Nile virus* (WNV) nas Ilhas do Oceano Índico, enfatizando a introdução do vírus RVF nas Ilhas Comoros e a transmissão entre humanos na Ilha Grande Comore com subsequente distribuição para outras regiões insulares (Smith; Guégan, 2010).

A infecção causada pelo RVF, por exemplo, afeta tanto animais quanto humanos, associando-se a quadros clínicos assintomáticos ou caracterizados por fases febris limitadas, a qual pode deixar sequelas em pacientes com manifestações sérias (Sissoko *et al.*, 2009). Um dos fatores que interfere na dinâmica de transmissão é o contato humano com ruminantes – afetados pela infecção –, a disponibilidade de criadouros para a ovoposição do vetor e as condições climáticas favoráveis para a proliferação, sendo esse último associado à Ilha Mayotte por comprometer-se pelos casos de RVF existentes no Leste Africano, em regiões costeiras, os quais determinaram a distribuição espacial da infecção (Mavian *et al.*, 2019; Sissoko *et al.*, 2009).

Assim como os ruminantes podem ser hospedeiros amplificadores e potencializar os casos de infecção pelo RFV, as aves conseguem contribuir para a

epidemiologia do *Sindbis virus*, uma vez que são as principais hospedeiras do arbovírus (McCoy *et al.*, 2016). Descrita pelos estudos de Calisher e colaboradores (1981), que avaliaram amostras de pacientes acometidos pela Dengue, observaram anticorpos associados ao patógeno SINV no Arquipélago Seychelles (Mavian *et al.*, 2019). Nesse caso, o vírus pode ser transmitido através do vetor *Culex univittatus*, fazendo com que os pacientes tenham fadiga, dores musculares e erupções cutâneas como principais sintomas (Adouchief *et al.*, 2016).

Com sintomas semelhantes, a soroprevalência do *Ross River virus* (RRV) foi observada em 1960 nas Ilhas Solomon e em 1979 houve a disseminação para outras regiões insulares do Oceano Pacífico. Essa distribuição está associada a um caso importado da Austrália, região na qual a doença é considerada endêmica com casos da infecção relatados na Ilha Tasmânia, ao sudeste do continente, que possui os cangurus como hospedeiros amplificadores (Klapsing *et al.*, 2005; Prahallad *et al.*, 2020).

Essa distribuição associada às importações de casos infecciosos pode ser uma consequência das migrações, como exemplificamos pelo vírus da Febre Amarela o qual foi introduzido ao “Novo Mundo” através do tráfico de escravos pelas Ilhas de Barbados e de Guadalupe (Mavian *et al.*, 2019; Smith; Guégan, 2010). Todavia, não somente a comercialização é observada como um dos fatores que promove a distribuição das arboviroses, uma vez as aves migratórias também a intensifica (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012). Observou-se, assim, o primeiro caso do *West Nile virus* (WNV) detectado em 2001 nas Ilhas Cayman, no Caribe, o qual também foi reportado durante algumas epidemias, em *Long Island* (Burroughs; Knobler; Lederberg, 2002; Mavian *et al.*, 2019).

A transmissão desse vírus ocorre por ciclos os quais envolvem o *Homo sapiens*, os mosquitos do gênero *Culex* e as aves silvestres, reservatórios e amplificadores da doença que, por sua vez, pode ser transmitida a mamíferos, répteis e anfíbios através dos culicídeos (Ain-Najwa *et al.*, 2020; Rappole; Hubálek, 2003). Como a maioria das aves não apresenta sintomas, a carga viral presente em seus organismos facilita a transmissão da doença – a qual possui patógeno adaptado com patogenicidade, virulência e letalidade baixas, conferindo maior probabilidade de progressão de infecções aos hospedeiros –, especialmente quando possuem comportamentos migratórios (Ain-Najwa *et al.*, 2020).

As aves migratórias são animais que se movimentam regularmente de acordo com as estações através de rotas que integram os hemisférios Norte e Sul. Assim, são capazes de transmitir e introduzir os agentes etiológicos para adaptações em novos vetores e hospedeiros, como o fazem com o WNV (Ain-Najwa *et al.*, 2020). Exemplifica-se essa observação pelos estudos de Ain-Najwa e colaboradores (2020), que investigaram a presença do agente etiológico nas aves da Malásia e constataram uma soroprevalência de 93% pelos organismos migratórios.

Essas aves geralmente migram em bandos com alta densidade de indivíduos, fazendo com que seus períodos previsíveis de ocorrência os determinem como hospedeiros consolidados de seus parasitos (Defaye *et al.*, 2022; McCoy *et al.*, 2016). Entretanto, apesar de serem consideradas como hospedeiras, em alguns casos podem ser acometidas pelos patógenos, como observado nas aves marinhas das Ilhas Esparsas – que englobam as Ilhas Europa e Juan de Nova, assim como os Atóis de Glorioso e de Tromelin – próximas de Madagascar. Essas aves, por exemplo, são prejudicadas pelos vírus da Influenza Aviária A e pelas infecções causadas por bactérias do gênero *Rickettsia*, ao passo que amplificam os casos das causadas pelo WNV através das migrações (McCoy *et al.*, 2016).

4.2 Hemosporídeos aviários

Os hemosporídeos são protozoários parasitas que podem infectar diversos vertebrados, sendo as aves um dos grupos mais acometidos nos ambientes insulares, de acordo com os resultados obtidos através da revisão bibliográfica (McCoy *et al.*, 2016). A identificação dos casos infecciosos respalda-se pelo uso de tecnologias moleculares, as quais permitem a análise da diversidade desses organismos microscópicos e da especificidade em relação aos seus hospedeiros (Clarck; Clegg; Lima, 2014).

Nesse aspecto, Clark e colaboradores (2014) investigaram a distribuição de dois gêneros por meio das linhagens sequenciadas disponíveis no banco de dados MalAvi, o qual considera o sequenciamento de fragmentos de citocromos-b – comumente utilizados como marcadores moleculares nos estudos desses microrganismos – gerando uma estimativa a respeito da distribuição geográfica dos gêneros *Plasmodium*, causador da malária aviária, e *Haemoproteus*, o qual gera infecções associadas à anemia hemolítica (McCoy *et al.*, 2016; Valkiunas, 2005).

Seus estudos, assim, elucidaram como as regiões oceânicas exibem poucas linhagens desses hemosporídeos quando comparadas com as outras divisões que consideravam os *hotspots* de riqueza aviária, exibindo a Nova Zelândia, a Polinésia Francesa e as Ilhas do Havaí como regiões insulares afetadas pelos patógenos (Clarck; Clegg; Lima, 2014; Gillespie; Claridge; Goodacre, 2008). Além disso, a pesquisa estimou maior diversidade de *hotspots* aviários continentais, refletindo o padrão biogeográfico de maior diversidade em baixas latitudes tropicais em razão da estabilidade climática que promove o desenvolvimento dos vetores, diferentemente do que se observa em arquipélagos tropicais onde os fatores climáticos não são suficientes para estabelecerem a manutenção dos patógenos (Clark; Clegg; Lima, 2014).

Por essas considerações, a ocorrência do gênero *Plasmodium* na Nova Zelândia, na Polinésia Francesa e nas Ilhas do Sul do Pacífico é determinada pela introdução de hospedeiros infectados – ou vetores susceptíveis – resultante das ações antrópicas, ao contrário do hemosporídeo *Haemoproteus* que apresenta poucas linhagens nos Arquipélagos do Havaí por não ter vetores apropriados (Clark; Clegg; Lima, 2014; Stephens; Daniel, 2006).

4.2.1 Malária aviária

Essa doença foi utilizada como modelo de estudo para compreendermos o mecanismo de infecção da malária na população humana, uma vez que os parasitos do gênero *Plasmodium* foram uns dos primeiros intra-eritrocitários – organismos que se reproduzem no interior dos eritrócitos – a serem descobertos nas aves (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012; Stephens; Daniel, 2006). Assim, conseguimos compreender o motivo pelo qual os materiais encontrados a referenciam com um dos principais exemplos ao abordarem as dinâmicas de transmissão, por termos inúmeras pesquisas a respeito. A espécie *Plasmodium relictum* compromete as aves das Ilhas do Havaí, todavia, o entendimento sobre a dinâmica de transmissão da protozoose é estendida para outros ambientes insulares – assim como aos continentais –, sendo aplicáveis até para o *West Nile virus* (WNV) (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012; National Research Council, 1992; Russell; Kueffer, 2019; Stephens; Daniel, 2006; Torchin; Lafferty; Kuris, 2002).

A diversidade de genes mitocondriais dos patógenos do gênero *Plasmodium* sugere a susceptibilidade ao hospedeiro, assim como a virulência do parasito, sendo

um dos fatores limitantes para a análise da dinâmica de transmissão da protozoose, que fez os números de determinadas espécies de aves diminuir contribuindo para a extinção de algumas (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012). A distribuição desse gênero é cosmopolita, estando presente em diversas regiões zoogeográficas – com exceção da Antártica – de modo que reportaram casos de contaminação em vários táxons de aves, com exceção das ordens Struthioniformes, Coliiformes e Trogoniformes, as quais entram em contato com o protozoário através dos mosquitos vetores do gênero *Culex* (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012).

Encontra-se a espécie *Culex quinquefasciatus* como vetora nas Ilhas do Havaí, a qual foi introduzida acidentalmente em 1826 por conta da expansão europeia na região do Oceano Pacífico (Lapointe; Goff; Atkinson, 2005). A presença dessa espécie nesses ambientes insulares relaciona-se com a limitante diversidade de mosquitos encontrada nessas ilhas, que resulta em uma baixa competitividade por nicho ecológico. Apesar da fauna entomológica insular do local ter englobado espécies como *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, *Aedes vexans nocturnus* e *Wyeomyia mitchellii*, apenas as espécies de *A. albopictus* e *Cx. quinquefasciatus* são encontradas nos habitats das aves (Lapointe; Goff; Atkinson, 2005; Russell; Kueffer, 2019).

Considerando o ciclo de vida do protozoário inicialmente assexual por conta da reprodução no interior de células eritrocíticas e teciduais do hospedeiro, o desenvolvimento dos gametócitos é sequencial no interior das células sanguíneas circulantes, permanecendo na circulação até que sejam ingeridas por um vetor. A partir do momento que o mosquito entra em contato em essas células a gametogênese ocorre e a formação dos oocistos é consolidada permitindo a esporogonia, a qual forma aos esporozoítos, determinando a forma infectante do vetor (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012). Com isso, através dos estudos de Lapointe e colaboradores (2005) que utilizaram amostras isoladas do *Plasmodium relictum* – um dos únicos gêneros encontrados nas Ilhas do Havaí – observou-se como diferentes mosquitos realizam a transmissão da doença.

A equipe de pesquisa, assim, considerou as taxas de oocistos e esporozoítos dos dois gêneros encontrados nas Ilhas do Havaí (*A. albopictus* e *Cx. quinquefasciatus*), incluindo a espécie *Wyeomyia mitchellii* por ter distribuição potencial às regiões florestais do ambiente insular, elucidando a maior propensão do

Cx. quinquefasciatus como vetor da malária aviária (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012).

Além do *Cx. quinquefasciatus* comprometer a avifauna havaiana, o Arquipélago de Galápagos e a Nova Zelândia também são regiões insulares afetadas pela transmissão do protozoário causador da malária aviária. O mosquito chegou à Ilha do Norte da Nova Zelândia no mesmo período que notificaram os casos nas Ilhas do Havaí, de modo que as primeiras evidências de contaminação ocorreram em 1920 (Howe *et al.*, 2012; Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012). No entanto, as aves introduzidas nessa região comumente apresentam uma condição assintomática para a doença, elucidando a baixa mortalidade (Howe *et al.*, 2012), ao passo que nas Ilhas do Havaí a avifauna possui letargia, anemia e anorexia como comprometimentos, assim como apresenta a parasitemia associada às infecções recorrentes (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012). Soma-se, ainda, as particularidades de algumas espécies de aves das Ilhas Marquesas, as quais adaptaram-se à malária aviária (gênero *Acrocephalus*), demonstrando a complexa coevolução entre o patógeno e o hospedeiro (Graham *et al.*, 2017).

No Havaí, ainda comenta-se sobre a ausência da recrudescência sazonal – períodos determinados nos quais há aumento no número de casos da doença – que ocorre somente pelas infecções concomitantes com vírus imunossupressores da varíola, as quais são gatilho para a recrudescência havaiana (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012). Assim, compreendemos que:

If lesions are associated with diseases (such as Avian Pox) carried by airborne vectors, birds with lesions would perhaps have been exposed to mosquitoes and thereby have had a greater chance of exposure to the malarial parasite. Moreover, if a bird has another disease, it may also be more susceptible to developing avian malaria because of a lowered resistance caused by the current disease (Van Riper III *et al.*, 1986, p. 331).

A sazonalidade da malária, diferentemente, ocorre na Ilha do Norte da Nova Zelândia, onde visualizou-se as maiores taxas de infecção na primavera, alguns casos descritos no começo do inverno e poucos no outono, considerando a baixa variação de temperaturas nessa porção insular e o fluxo das aves na mudança das estações (Castro *et al.*, 2011). Os pesquisadores que avaliaram esses resultados analisaram as aves infectadas da Ilha Makoia, as quais apresentaram infecções crônicas – que ocorrem quando linhagens homólogas do parasito entram em contato e persistem com o hospedeiro, consolidando a baixa intensidade da parasitemia –

determinantes para compreendermos a epidemiologia da malária aviária (Castro *et al.*, 2011; Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012).

4.3 Aspectos geomorfológicos associados às dinâmicas de transmissão

Ao avaliar-se a malária aviária nas Ilhas do Havaí depreendemos que a paisagem derivada de erupções vulcânicas fornece espaços aquáticos limitados para o desenvolvimento das larvas dos mosquitos vetores, como observamos nas Ilhas Kauai, Maui, Molokai e Oahu, onde fatores endógenos contribuíram para a exposição de substratos menos permeáveis que criam “piscinas rochosas” nos leitos dos riachos (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012):

Depressions in exposed lava substrates along intermittent stream beds and elsewhere impound rainwater and surface drainage to create suitable larval mosquito habitat [...] (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012, p. 215).

Além disso, a paisagem decorrente dos efeitos endógenos pode relacionar-se às condições de saneamento básico. O Arquipélago de Cabo Verde, localizado no Oceano Atlântico, explicita como a origem vulcânica do solo faz com que o fornecimento de água seja inadequado e a construção de latrinas seja dificultada, cenário similar ao do Arquipélago de Comoros. Esse fator, combinado às condições que permitem a disseminação da bactéria *Vibrio cholerae*, tais como a alta densidade humana e a vulnerabilidade dos recursos de água superficiais e subterrâneos às contaminações fecais, fazem com que a propagação da Cólera ocorra (Rebaudet *et al.*, 2013).

Resultantes, também, dos efeitos endógenos, constatou-se a presença de criadouros nos orifícios das rochas ao longo dos efluentes intermitentes, nos quais larvas de *Cx. quinquefasciatus* foram encontradas (Aruch *et al.*, 2007). Além desse aspecto, associam-se fatores como altitude aos casos de infecção pelo protozoário, uma vez que as temperaturas diminuem em maiores elevações e o desenvolvimento larval dos mosquitos é desacelerado nesses pontos (Rueda *et al.*, 1990).

Ao avaliarmos as questões altimétricas, encontramos diversos padrões de transmissão entre os diferentes estratos arbóreos:

Key patterns in the Hawaiian malaria forest bird system are high malaria transmission in low-elevation forests with minor seasonal or annual variation in infection; episodic transmission in mid-elevation forests with site-to-site, seasonal, and annual variation; and disease refugia in high-elevation forests with slight risk of infection Only during summer. These transmission patterns are driven primarily by climatic effects on the parasite extrinsic incubation period, mosquito population dynamics across an altitudinal gradient, and

land-scape variation in the type and abundance of larval habitat [...]
(Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012, p. 217).

Essas características estão associadas aos tipos de coberturas de vegetação nas Ilhas do Havaí. Assim, conseguimos avaliar como as regiões com média elevação vegetal apresentam menor abundância de mosquitos infectados, uma vez que nesses pontos observamos baixas temperaturas e poucos criadouros disponíveis para a ovoposição dos culicídeos. Todavia, ao final do verão, o número de aves suscetíveis à transmissão aumenta junto ao número dos mosquitos infectados, em decorrência do aumento médio da temperatura e das chuvas ideais para a sobrevivência dos mosquitos e desenvolvimento do parasito (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012).

Além da cobertura vegetal, regiões com baixo relevo são consideradas menos resilientes aos efeitos do aquecimento global, uma vez que esse fenômeno associado ao Antropoceno compromete o nível dos oceanos de modo que podemos observar o aumento em seus níveis, os quais comprometem ilhas de relevos homogêneos com baixas altimetrias (Frenot *et al.*, 2005). Os impactos gerados, assim, nos habitats insulares, estão sinergicamente vinculados às alterações abióticas que promovem consequências ainda mais devastadoras à ecologia de comunidades desses espaços, implicando alterações nas relações parasito-hospedeiro e nas dinâmicas de transmissão de doenças (Graham *et al.*, 2017).

4.4 Doenças com importância agropecuária

A emergência dos vírus que afetam espécies vegetais é um dos fatores que compromete as safras, especialmente onde a agricultura de subsistência apresenta-se como majoritária (Bruyn *et al.*, 2016; Jacobson; Duffy; Sseruwagi, 2018; Péréfarres *et al.*, 2012). Pela revisão bibliográfica, elucidou-se o vetor *Bemisia tabaci* como um dos principais componentes da dinâmica de transmissão da *Cassava Mosaic Disease* (CMD) – Doença do Mosaico da Mandioca, do inglês –, a qual causa perdas anuais bilionárias na África Subsaariana e compromete regiões insulares do entorno (Barro *et al.*, 2011; Hadjistyli; Brown; Roderick, 2010; Jacobson; Duffy; Sseruwagi, 2018; Malathi; Devi, 2019).

Observou-se que a origem do vírus é africana e que sua distribuição pelo continente está vinculada aos cortes propagativos da mandioca (*Manihot esculenta*) e ao vetor, a mosca-branca. Os vírus possuem ssDNA (*single-stranded DNA*) – ou

seja, uma fita simples de DNA – e ocasionam a deformação das folhas assim como estancam o crescimento da espécie. Além disso, a coinfeção pelos begomovírus pode ocorrer fazendo com que a recombinação gênica entre as espécies infectantes aumente a virulência da doença (Jacobson; Duffy; Sseruwagi, 2018).

Através do levantamento realizado por Jacobson e colaboradores (2018) elucidou-se a diversidade dos begomovírus em regiões insulares. Através do estudo, constatarem as espécies SACMV (*South African cassava mosaic virus*), ACMV (*African cassava mosaic virus*), CMMGV (*Cassava mosaic Madagascar virus*), EACMV (*East African cassava virus*) e EACMKV (*East African cassava mosaic Malawi virus*) em Madagascar, ao passo que visualizaram as Ilhas Seychelles com uma diversidade menor – apresentando as espécies EACMV, EACMKV e EACMZV (*East African cassava Zanzibar virus*) –, assim como as Ilhas Comoros – as quais consolidavam apenas as EACMV e EACMKV (Barro *et al.*, 2011; Bruyn *et al.*, 2016).

A diversidade corresponde às taxas de recombinações e mutações que esses begomovírus possuem, todavia, apesar das maiores taxas de recombinações intraespecíficas e interespecíficas ocorrerem e estarem vinculadas às alterações na virulência, o que se analisa pelas espécies ACMV e EACMV sequenciadas é a mutação como fator determinante, por serem vírus constituídos por ssDNA e terem os processos de replicação do genoma semelhantes ao dos vírus de RNA, permitindo a adaptação às mudanças ambientais, a novos hospedeiros e aos mecanismos de defesa desses (Bruyn *et al.*, 2016; Jacobson; Duffy; Sseruwagi, 2018; Khan; Ji; Chun, 2012; Malathi; Devi, 2019).

Além da adaptabilidade dos vírus, considera-se o complexo de espécies que reúne mais de quarenta grupos genéticos de *B. tabaci*. A dispersão pode associar-se às migrações humanas, às longas distâncias do fluxo gênico e à dispersão do vetor, a qual é estreita ao período no qual esse permanece em estágio infectante:

CMDs require up to 8 hours to circulate in the vector before they can be transmitted, but whiteflies remain viruliferous for at least nine days which may increase incidence and distance of virus (Jacobson; Duffy; Sseruwagi, 2018, p. 169).

Por essa perspectiva, a Doença do Mosaico da Mandioca afeta diversas regiões insulares próximas ao continente africano, estabelecendo clados que agrupam as principais espécies de vetores encontrados nas Ilhas Réunion, Seychelles e em Madagascar. Um dos clados é compreendido pelo *Africa-Middle East-Asia Minor clade* – clado África-Médio Oriente-Ásia Menor, do inglês – que

compreende as espécies *Mediterranean*, *MidEastAm1*, *IndianOcean* e *SubSahAf12-13* as quais são encontradas na Ilha Réunion, com exceção da *SubSahAf12-13* restrita à Uganda. Em Seychelles observam a presença da espécie *IndianOcean*, assim como em Madagascar, diferenciando-se dos outros espaços insulares por ter um subtipo majoritariamente continental: o *SubSahAf9* (Hadjistylli; Brown; Roderick, 2010; Jacobson; Duffy; Sseruwagi, 2018).

Soma-se, também, a endossimbiose associada à dispersão das espécies de *B. tabasi*. A bactéria *Portiera aleyrodidarum* é um endossimbionte obrigatório dessa espécie – a qual pode apresentar outros hospedeiros facultativos do gênero *Rickettsia* –, fazendo com que a relação entre o vetor do patógeno da CMD e as espécies endossimbiontes permita a diferenciação entre os diversos grupos genéticos de moscas-brancas e o desenvolvimento fisiológico do vetor, impactando a propagação da doença (Jacobson; Duffy; Sseruwagi, 2018; Péréfarres *et al.*, 2012).

A espécie *MidEastAm1*, do clado África-Médio Oriente-Ásia Menor, está vinculada à performance tolerante da *Rickettsia* às altas temperaturas de choque térmico, o que exemplifica como a associação da bactéria endossimbionte ao vetor da CMD proporciona a dispersão da doença em regiões insulares tropicais, como pode-se observar na Ilha Réunion (Jacobson; Duffy; Sseruwagi, 2018; Péréfarres *et al.*, 2012).

A Ilha Réunion, entretanto, não é apenas acometida pela CMD. Outro begomovírus é responsável por uma das mais devastadoras doenças que compromete espécies vegetais de regiões quentes e temperadas: o *Tomato Yellow Leaf Curl virus* (TYLCV) – Vírus do Enrolamento das Folhas do Tomateiro, do inglês. O vírus foi identificado ao final dos anos 1980 após comprometer o Japão e, posteriormente, observou-se alguns casos nas Ilhas do Caribe (Khan; Ji; Chun, 2012; Péréfarres *et al.*, 2012). O padrão de dispersão desse vírus corresponde ao *Invasive Bridgehead Effect* – Efeito de Cabeça de Ponte Invasora –, através das análises filogeográficas propostas por Péréfarres e colaboradores (2012):

In this scheme, widespread invasions do not result from isolates originating from across the native range of the invasive species but rather from individual particularly invasive sub-populations that serve as sources of colonists for the conquest of new territories (Péréfarres *et al.*, 2012, p. 3673).

Além da CMD, a África apresenta outra particularidade que compromete a população local. A *African Swine Fever* (ASF) – Febre Suína Africana – é uma

doença cuja epidemiologia envolve javalis selvagens e porcos domésticos, de modo que o javali africano é uma espécie resistente à infecção pelo vírus, sendo capaz de transmiti-lo, o qual também pode ser ter como vetor os carrapatos da espécie *Ornithodoros moubata* (GARA, 2022).

A interação hospedeiro-vírus corresponde à infecção das células do sistema imunológico do hospedeiro pelo *African Swine Fever virus* (ASFV), que compromete os monócitos e os macrófagos. Em casos severos, todavia, massivas apoptoses dos linfócitos podem desencadear uma imunodeficiência sistêmica ao hospedeiro, fazendo com o controle da infecção ocorra apenas através dos recursos relacionados a biossegurança das fazendas, uma vez que não há vacinas nem drogas antivirais contra o patógeno (GARA, 2022).

Por conta das escassas formas de controle epidemiológico associadas ao comércio de carnes, o vírus dispersou-se pelas regiões insulares, ao Haiti e à República Dominicana – na Ilha de São Domingos –, ao Timor-Leste, assim como às Ilhas da Papua-Nova Guiné e da Indonésia, evidenciando a superação das barreiras geográficas para a transmissão associada à ação antrópica (GARA, 2022).

Em relação à produção da carne de corte, observa-se a Fasciolose causada pelos trematódeos *Fasciola hepatica* e *Fasciola gigantica*. Com ampla distribuição pela Ásia e pelo continente africano, o patógeno foi identificado nas Ilhas do Pacífico e no Caribe, o qual ocupou as regiões insulares pela introdução da espécie de gastrópode responsável por completar o ciclo de vida do helminto: a *Pseudosuccinea columella* (Alba; Vazquez; Hurtrez-Boussès, 2021; Mas-Coma; Valero; Bargues, 2009, 2018, 2022).

Além da morte, o gado de corte pode ser acometido pela redução da produção de leite ocasionada pela baixa fertilidade, a qual possui tratamentos terapêuticos com custos elevados. Por esse aspecto, o hospedeiro intermediário determina a prevalência do patógeno, que ocasiona perdas bilionárias globais no que tange a produção animal (Alba; Vazquez; Hurtrez-Boussès, 2021; Mas-Coma; Valero; Bargues, 2009, 2018, 2022).

4.5 Doenças transmitidas por carrapatos

Carrapatos são artrópodes hematófagos da classe Arachnida, considerados como ectoparasitas obrigatórios. São organismos que podem transmitir patógenos aos seus hospedeiros, sendo esses últimos capazes de determinar como a dinâmica

de transmissão das infecções ocorre por serem responsáveis pelo transporte geográfico das espécies vetoras (Barré; Uilenberg, 2010; Krasteva *et al.*, 2020). Além disso, podem ser transmitidos através de aves marinhas migratórias, como as espécies *Ornithodoros capensis* e *Amblyomma loculosum* que parasitam os vertebrados das Ilhas Esparsas do Oceano Índico (McCoy *et al.*, 2016).

Por essa perspectiva, ao avaliarmos o modo como os vetores ocupam outras áreas, devemos analisar as condições ambientais que permitem o seu estabelecimento e sobrevivência (Burroughs; Knobler; Lederberg, 2002). Apesar dos fatores climáticos oscilarem em característicos períodos e o estabelecimento das espécies assumir caráter temporário devido à continuidade do transporte de animais infestados por carrapatos, o aumento das temperaturas determina locais anteriormente inapropriados para consolidação do *fitness* das espécies como favoráveis à sobrevivência. Além disso, por terem estágios larvais duradouros, conseguem resistir às condições ambientais até encontrarem um hospedeiro ideal para completar o seu ciclo de vida:

Once ticks have been successfully transported, another valuable adaptation for completion of their life cycle is the long survival period of the free-living stages, which they use to wait for a favourable host (Barré; Uilenberg, 2010, p. 151).

As Ilhas do Mediterrâneo, assim, consolidam a presença de carrapatos dos gêneros *Ixodes*, *Rhipicephalus* e *Amblyomma* – que podem transmitir rickettsioses (Labuda; Nuttall, 2004). Nesses espaços insulares, algumas aves são reservatórios naturais dos patógenos e possuem ectoparasitas que auxiliam na transmissão dessas infecções bacterianas, as quais dispersam-se através dos movimentos migratórios desses vertebrados. Por essa perspectiva, as Ilhas Antikythera, Capri, Chipre, Pianoza e Ponza são algumas que apresentam essa epidemiologia (Defaye *et al.*, 2022; Guccione *et al.*, 2021; Labuda; Nuttall, 2004).

Consideram-se as expansões comerciais como determinantes para a dispersão desses organismos, entretanto, a presença dos aracnídeos hematófagos já foi relatada há mais de 3000 anos, no caso o *Amblyomma breviscutatum* – carrapato suíno originário do Sudeste Asiático, o qual foi identificado nos Arquipélagos Fiji e Vanuatu ao sul do Oceano Pacífico –, o qual estabeleceu-se nas regiões insulares após os primeiros migrantes Austronésios ocuparem as ilhas do Arquipélago da Melanésia (Barré; Uilenberg, 2010).

Dentre os gêneros que mais comprometem a pecuária, podemos citar o *Rhipicephalus microplus*, o qual foi transportado junto ao gado à Madagascar e às Ilhas Comoros e Mascarenhas, assim como aos Arquipélagos da Polinésia Francesa e da Nova Caledônia. A distribuição pantropical associa-se, também, aos casos de Babesiose Cerebral e Anaplasmoze (Barré; Uilenberg, 2010), sendo a primeira infecção causada por um protozoário que pode induzir o sequestro de eritrócitos nos capilares cerebrais e provocar a incoordenação motora (Oliveira *et al.*, 2018); e a segunda, por uma bactéria, a qual causa sintomas variados – tais como febre e letargia – com sinais clínicos não específicos, dificultando o controle epidemiológico da doença (Vidotto; Marana, 2001).

Além desse vetor, pode-se comentar sobre o *Amblyomma variegatum*, o qual ocupa todas as zonas climáticas limitando-se a espaços áridos. Em regiões equatoriais, onde os níveis de precipitação não ultrapassam o limite da espécie, pode-se encontrá-la distribuída de forma esparsa pelas clareiras (campos abertos). Contudo, em altas altitudes, a identificação do vetor é estabelecida pelas altas temperaturas e chuvas abundantes (Barré; Uilenberg, 2010). No Sri Lanka, por exemplo, isolaram o *Nairobi Sheep Disease virus* (NSDV) – vírus da Doença das Ovelhas de Nairobi – dos carrapatos *A. variegatum*, os quais transmitem a infecção hemorrágica gastrointestinal que ocasiona a alta mortalidade entre os pequenos ruminantes (Krasteva *et al.*, 2020).

O comércio de gado proveniente do Senegal também fez com que o vetor fosse transportado às Pequenas Antilhas, localizadas no Caribe, mas a ocorrência nas Ilhas Comoros e Mascarenhas, assim como em Madagascar, deu-se através do Leste Africano. Essas regiões também são acometidas por infecções que prejudicam o manejo do gado, como a Erliquiose, que causa febre, inchaço e dificuldades respiratórias aos animais. Assim, essa variedade de nichos ecológicos vincula-se ao modo como o vetor dispersou-se pelos ambientes insulares (Barré; Uilenberg, 2010).

4.6 Impacto antrópico associado a ilhas

Um dos principais fatores que corrobora para o aumento de doenças parasitárias corresponde ao impacto antrópico (Smith; Guégan, 2010). A fragmentação de habitats, por exemplo, através do desmatamento e de atividades agrícolas não sustentáveis estão entre os mais relacionados com os casos de malária aviária observados nas Ilhas do Havaí (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012).

Esses mesmos pontos são observados com os casos de infecção pelo protozoário em Nova Zelândia, onde habitats larvais ricos em nutrientes foram estabelecidos. Nessa região insular, a mudança paisagística ocasionada pelo avanço da população fez com que a espécie *Cx. quinquefasciatus* se espalhasse pelas ilhas, utilizando habitats aquáticos com alta disponibilidade de matéria orgânica para a ovoposição (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012; Leishman *et al.*, 2004).

Por esse aspecto, elucida-se como a fragmentação dos habitats permite a aproximação entre as populações locais – de regiões insulares ao entorno do continente africano – e as espécies silvestres (Kessler *et al.*, 2018). O gênero *Rousettus* agrupa diversas espécies de morcegos frugívoros os quais possuem consolidados serviços ecossistêmicos que permitem a dispersão de sementes e a polinização, por exemplo. Porém, o avanço das ocupações humanas alinhado a determinados hábitos alimentares pode comprometer a saúde pública, uma vez que os morcegos podem ser reservatórios de vírus, bactérias e protozoários (Kessler *et al.*, 2018; Ramanantsalama *et al.*, 2022).

Através do levantamento bibliográfico proposto por Ramanantsalama e colaboradores (2022) observou-se como as espécies *R. leschenaultii* e *R. aegyptiacus* estão associadas às porções continentais da África e às ilhas do entorno, e as espécies *R. madagascariensis* e *R. obliviosus* às Ilhas do Oceano Índico, especialmente à Madagascar e às Ilhas Comoros. Essas regiões suplementam suas dietas através do consumo dessas espécies – as quais, apesar de não serem completamente dependentes das florestas, as utilizam como áreas de repouso tanto quanto apropriam-se de construções abandonadas, monumentos e áreas de mineração subterrâneas – que, pelo desmatamento, podem variar o modo como consomem seus recursos alimentares, exemplo elucidado pelo Sri Lanka que registra a espécie *R. leschenaultii* alimentando-se de frutas disponíveis em feiras comerciais (Ramanantsalama *et al.*, 2022).

No Sri Lanka, observam ectoparasitas das famílias Nycteribiidae e Streblidae associados à espécie *R. leschenaultii*, conhecidas por serem reservatórios de vírus, bactérias e protozoários (Ramanantsalama *et al.*, 2022). Todavia, análises provenientes dos sequenciamentos dos genomas do gênero *Rousettus* indicam a tolerância das espécies às infecções por terem genomas curtos em relação a outros grupos da família Pteropodidae. Isso ocorre devido às menores sequências de elementos transponíveis presentes nesses morcegos, as quais estão associadas às

replicações dos genomas virais e às respostas antivirais, lhes permitindo suportar infecções crônicas que determinaram a coevolução dos hospedeiros às cepas virulentas (Ramanantsalama *et al.*, 2022). Contudo, o contato com esses organismos pode fazer com que seus patógenos infectem as populações humanas locais.

Os morcegos da família Pteropodidae, além de considerarem indivíduos frugívoros, incluem nectarívoros usualmente conhecidos como *flying foxes* – raposas-voadoras, do inglês –, espécies capazes de transmitir henipavírus, os quais afetam tanto animais silvestres quanto populações humanas (Kessler *et al.*, 2018). Com casos relatados na Ilha de Madagascar e no Arquipélago das Filipinas, assim como nas Ilhas Australianas e da Indonésia, os principais casos observados são de encefalite, os quais podem aumentar em proporção devido às alterações paisagísticas nos habitats dessa família (Kessler *et al.*, 2018; Ramanantsalama *et al.*, 2022).

Diversos estudos também indicam os morcegos como reservatórios naturais de bactérias do gênero *Leptospira*, os determinando como consubstanciais à epidemiologia de uma das mais dispersadas zoonoses: a Leptospirose (Dietrich *et al.*, 2018). A bactéria já foi identificada nas espécies *R. aegyptiacus*, *R. obliviosus* e *R. madagascariensis*, assim como os casos da infecção relatados nas Ilhas Seychelles e Mayotte (Dietrich *et al.*, 2018; Ramanantsalama *et al.*, 2022), as quais somam-se ao conjunto das Ilhas do Oeste do Oceano Índico caracterizadas por inúmeras espécies introduzidas, que podem alterar as dinâmicas de transmissão de infecções (Graham *et al.*, 2017; Ramanantsalama *et al.*, 2022). Além disso, as morsas-do-Pacífico (*Odobenus rosmarus*) também podem ser acometidas pelo patógeno, mais especificamente na Ilha Round, através do contato com os leões-marinhos-de-steller, os quais são reservatórios naturais do agente etiológico (Garlich-Miller *et al.*, 2011).

As atividades humanas também promovem a alteração de aspectos da epidemiologia pela introdução de espécies nesses ambientes, a qual também está mais associada aos casos de extinção quando comparamos suas consequências com a perda de habitats (Cohen, 2010; Graham *et al.*, 2017; Kessler *et al.*, 2018; Kraus, 2015; Péréfarres *et al.*, 2012; Torchin; Lafferty; Kuris, 2002). No Havaí, por exemplo, dezessete aves foram introduzidas, as quais adaptaram-se às florestas insulares (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012). Apesar do conhecimento a respeito do modo como essas espécies associam-se à malária aviária ter se modificado ao

passar dos anos, Lapointe e colaboradores (2012) já observaram como uma das espécies não nativas (*Passer domesticus*) desenvolve parasitemias intermediárias em intensidade, fazendo com que seja um reservatório do parasito por até um ano, ao contrário de outras que contribuem para a diluição da doença infecciosa por serem resistentes ao *P. relictum* (Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012; Stephens; Daniel, 2006).

Observa-se, também, a introdução de espécies nas Ilhas da Antártica. A região inclui tanto ilhas verdadeiras quanto fragmentos de gelo isolados, sendo as principais regiões insulares as Ilhas Shetland do Sul, Orkney do Sul e Sandwith do Sul, além das Ilhas do Subantártico que circundam a zona polar. Esse processo é exemplificado pelo fungo causador da “podridão cinzenta” (*Botrytis cinerea*) – transferido à Ilhas Marion através de vegetais frescos – o qual prejudica as plantações de *Pringlea antiscorbutica*, comumente conhecida como erva-do-escocês (Frenot *et al.*, 2005). Todavia, apesar das poucas tentativas de quantificação e minimização do risco ou avaliação do impacto das espécies introduzidas:

Human activity in Antarctica has been identified as a potential source of disease in wildlife, either by translocating pathogens or acting as a source of stress, leading to a reduction of immunity and creating the opportunity for expression of dormant diseases (Frenot *et al.*, 2005, p. 55-56).

Considera-se, também, o oomiceto introduzido na Nova Zelândia – possivelmente, através da importação de mudas e ausência de processos de biossegurança, causando a “*Kauri dieback*” –, o qual compromete a biodiversidade das florestas temperadas compostas por coníferas kauri (*Agathis australis*) na Ilha do Norte. Os patógenos microscópicos do gênero *Phytophthora* causam o afinamento e a clorose das folhas das copas, comprometendo a regeneração da espécie e alterando a composição florestal nos ecossistemas (Jung *et al.*, 2018).

As introduções de espécies de patógenos podem ocorrer, assim, através das introduções de hospedeiros. O gato doméstico (*Felis catus*), por exemplo, tornou-se invasor nas Ilhas do Oceano Pacífico, não somente por assumir um nicho ecológico que compromete a biodiversidade das ilhas – pelos hábitos de predação de pequenos animais – como por introduzir agentes etiológicos que comprometem a saúde pública (Duffy; Capece, 2012). A Toxoplasmose, causada pelo protozoário *Toxoplasma gondii*, foi introduzida no Arquipélago das Filipinas, assim como nas Ilhas do Havaí, do Kanguru e nos Atóis de Carolina, por navios, comprometendo pessoas com sistemas imunológicos debilitados. Entretanto, Duffy e Capece (2012)

identificaram outras infecções transmitidas pelos felinos, como a Doença da Arranhadura do Gato, causada pela *Bartonella clarridgeiae*, através de mordidas e arranhões dos vertebrados; e o Tifo Murino, transmitido por carrapatos da espécie *Ctenocephalides felis* (Duffy; Capece, 2012).

Além da introdução de espécies, outro fator que pode colaborar para mudanças em aspectos epidemiológicos é a emissão de Gases do Efeito Estufa (GEE), resultantes de atividades industriais, por exemplo. A emissão desses gases, como o dióxido de carbono, pode fazer com que o aquecimento global ocorra e, conseqüentemente, que as médias de temperatura aumentem, influenciando na dinâmica de transmissão de algumas doenças (Barré; Uilenberg, 2010; Cai *et al.*, 2021; Kessler *et al.*, 2018; Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012; McAlpine; Wotton, 2019; Odongo; Garcia; Viljoen, 2010).

Observamos, assim, como evapotranspiração – a qual intensifica-se pelo aquecimento global – associada ao padrão de transporte dos ventos trans-Pacífico, pode determinar a ocorrência da Febre de Kawasaki, uma infecção pediátrica que acomete crianças com disfunções cardiovasculares que se associa a fungos presentes em tempestades de areia asiáticas, as quais determinam a sazonalidade da infecção nas Ilhas do Havaí, por exemplo (Tong *et al.*, 2023).

A ação antrópica, desta forma, pode associar-se às mudanças climáticas e à intensificação de alguns fenômenos naturais, como observado pelo efeito do *El Niño-Southern Oscillation* (ENSO) (Cai *et al.*, 2021). El Niño é descrito por ser um fenômeno climático no qual observa-se o aquecimento da superfície do Oceano Pacífico e o enfraquecimento dos ventos equatoriais, todavia, além das implicações atmosféricas temos a circulação oceânica afetada, a qual compromete os ecossistemas terrestres e marinhos, além das próprias atividades humanas relacionadas com a agricultura. Sua alternância com La Niña é o que determina o ENSO (Timmermann *et al.*, 2018).

Considerando a alternância das condições de aquecimento e resfriamento proporcionadas por esses fenômenos, o ENSO representa as variações climáticas globais (Timmermann *et al.*, 2018). Nesse sentido, o impacto humano associado à emissão de GEE faz com que o ENSO esteja sensivelmente relacionado com a intensificação do efeito estufa (Cai *et al.*, 2021). Esse fenômeno, entretanto, implicaria na redução dos habitats larvais disponíveis aos vetores da malária aviária, nas Ilhas do Havaí, pois as regiões seriam afetadas pelas secas, por exemplo

(Lapointe; Atkinson; Samuel, 2012). Ainda assim, esses processos relacionados às variações climáticas podem aumentar o nível dos oceanos ao longo do tempo promovendo a diversificação, em alguns casos, como observam pelos ciclos de isolamento e reconexão das Ilhas de Galápagos que permitiram o aumento na riqueza de espécies (Frenot *et al.*, 2005; Graham *et al.*, 2017).

Relaciona-se ao ENSO, também, a ocorrência da Cólera em determinadas regiões insulares. O agente etiológico, *Vibrio cholerae*, é uma bactéria associada a águas salobras que suporta o aumento da salinidade através do aquecimento da superfície oceânica e disponibilidade de matéria orgânica. Assim, com os casos decorrentes das atividades pesqueiras, as Ilhas Bijagós e o Arquipélago de Zanzibar têm a circulação do patógeno, assim como São Tomé e Príncipe e o Arquipélago Cabo Verde relataram algumas epidemias na década de 1990 (Rebaudet *et al.*, 2013).

Esse consequente aumento das temperaturas, além de fazer com que o nível dos oceanos aumente, afeta os locais disponíveis para ovoposição dos mosquitos do gênero *Aedes*, uma vez que a água disponível dos criadouros evapora e contribui para a mortalidade dos estágios larvais, todavia, esse processo permite a adaptação desses organismos a outros locais, tais como os esgotos subterrâneos da Ilha Trindade, fazendo com que a espécie não tenha alteração em seu *fitness* (Graham *et al.*, 2017; Mavian *et al.*, 2019).

Por outra perspectiva, o aquecimento das águas oceânicas poderia determinar o aumento dos casos de branqueamento de corais da espécie *Acropora palmata*, encontrada nas Ilhas Virgens Americanas (Moulding; Ladd, 2022). Essa espécie de coral, por exemplo, é suscetível à *White Band Disease* (WBD), a qual é transmitida através de bactérias patogênicas (Kline; Vollmer, 2011; Moulding; Ladd, 2022).

O impacto antrópico, entretanto, mostra-se além da emissão de GEE. O observamos pelo aspecto turístico a partir do momento que as Ilhas Tropicais são interpretadas como *Small Islands Developing States* (SIDS) – sendo consideradas particularmente sensíveis e propensas aos desastres naturais, assim como comprometidas pela falta de saneamento básico e políticas públicas responsáveis pelo controle dos vetores e de eventuais epidemias – e são constantemente visitadas, fazendo com que os habitats dos ambientes insulares sejam modificados (Graham *et al.*, 2017). Esse contato entre os ambientes continentais e os insulares

foi um dos fatores que promoveu a dispersão dos vírus ZICV e CHIKV a populações não expostas previamente (Cao-Lormeau, 2016; Mavian *et al.*, 2019).

Considerando a comercialização de produtos, observa-se como os vetores e os patógenos podem ocupar novos nichos ecológicos. Com a implementação, no século XVII, dos sistemas de armazenamento de água em embarcações para longas distâncias, e intensificação do tráfico de escravos provenientes da África, o *A. aegypti* foi exportado até o Arquipélago das Antilhas Francesas (Mavian *et al.*, 2019). Com isso, podemos associar alguns estudos relacionados às dimensões portuárias com a distribuição desse vetor. Fonzi e colaboradores (2015), assim, investigaram essas proporções no Arquipélago das Filipinas, constatando que o transporte marítimo não só afeta a distribuição do mosquito na região como também está associado a regiões com portos extensos.

O tráfico de escravos durante o período colonial também resultou em importações de diversas doenças, como por exemplo a Malária causada pelos protozoários *Plasmodium vivax* e *Plasmodium falciparum*. Hamoudi e Sachs (1999) destacaram a circulação da doença na Ilha Maurícius, a qual estabelecia relações comerciais com Madagascar. Contudo, o desmatamento que estabeleceu o plantio da cana-de-açúcar, na ilha, fragmentou o habitat do vetor do gênero *Anopheles* e determinou o período no qual a transmissão não ocorria (Hamoudi; Sachs, 1999).

Esse cenário diverge do modo pelo qual a Cólera disseminou-se através das embarcações que contribuíram para a transmissão da doença, diferentemente da fragmentação do habitat que estabeleceu a ausência do mosquito vetor da Malária na Ilha Maurícius (Hamoudi; Sachs, 1999). Nesse contexto, a água de lastro utilizada nas embarcações transportava o patógeno originário da porção nordestina do Oceano Índico. Identificado no Arquipélago de Comoros, o patógeno ocupou a região costeira da Ilha de Madagascar, onde relataram a presença da bactéria na cidade portuária de Majunga, com a qual tinha contato comercial (Rebaudet *et al.*, 2013).

A mercantilização, ainda, foi um dos fatores que contribuiu para a disseminação de um vetor capaz de transmitir diversos patógenos. Os ratos do gênero *Rattus* foram ocasionalmente introduzidos em diversos habitats através do tráfego terrestre e da navegação marítima associada ao comércio (Kosoy *et al.*, 2015). Os ratos do Oceano Pacífico (*Rattus exulans*), por exemplo, são originários do Sudeste Asiático, mas estabeleceram-se na Nova Zelândia, assim como

ocuparam a região da Ilha da Páscoa e do Havaí; ao passo que a espécie *Rattus rattus* – possivelmente originária da Península Indiana ou da Malásia –, dispersou-se ao oeste das Ilhas do Oceano Índico ocupando regiões insulares do Mediterrâneo, determinando os espaços costeiros como principais para a ocorrência da espécie, a qual disseminou-se através de embarcações (Kosoy *et al.*, 2015).

Ao passo que esses mamíferos podem ser vetores de infecções, também assumem outras funções na dinâmica de transmissão de doenças, como podemos exemplificar pela Angiostrongilíase – causada pelo nematódeo *Angiostrongylus cantonensis*, que necessita de gastrópodes como hospedeiros intermediários –, a qual possui os roedores *Rattus exulans* e *Rattus rattus* como hospedeiros definitivos. Identificou-se o nematódeo no Egito, em 1970, e o intenso tráfego marítimo pelo Canal de Suez contribuiu para a disseminação às regiões insulares do Oceano Pacífico, incluindo as Ilhas da Polinésia Francesa, o Havaí e as Ilhas Canárias como foco da doença. Os patógenos, assim, podem ser transmitidos aos humanos, que terão a meningite eosinofílica como principal sintoma (Morgan *et al.*, 2021).

A Peste Bubônica, ocasionada pela bactéria *Yersinia pestis*, é uma das infecções transmitidas por ectoparasitos desses mamíferos, a qual já afetou a Ilha de Madagascar e o Arquipélago da Indonésia, em 1970, quando reportaram a identificação do patógeno em ratos do Oceano Pacífico (Kosoy *et al.*, 2015). Em Madagascar, a introdução ocorreu na região costeira através de embarcações movidas à propulsão, as quais trouxeram ratos infectados à cidade de Toamazina (Lotfy, 2015). Posteriormente, o patógeno foi interiorizado aos centros comerciais destacados pelas atividades agrícolas, que atraíam os hospedeiros de vetores da doença pelo armazenamento das colheitas e aumentavam o contato com as espécies por conta do desmatamento:

Deforestation has two consequences: the first consequence relates to the possibility of enhanced contact opportunities of humans with sylvatic plague in the forests of the High Plateau; the second consequence relates to the change in landscapes favoring the development of rodent populations as plague reservoirs (Lotfy, 2015, p. 25).

Além da Peste Bubônica, essas espécies também são capazes de transmitir a Leptospirose – a qual foi notificada nas Filipinas após análise de amostras de sêrum desses vetores – e de promover infecções pelo hantavírus – capaz de causar febres hemorrágicas associadas a síndromes renais nas populações humanas (Kosoy *et al.*, 2015).

Considera-se, também, a capacidade dessas espécies portarem bactérias do gênero *Salmonella* – identificado na Ilha da Trindade através das análises de amostras fecais de *Rattus rattus* – e serem hospedeiras competentes às dos gêneros *Rickettsia* e *Borrelia*, esse último introduzido em regiões insulares – na Ilha da Madeira, em Portugal, e na Ilha de Monhegan, nos Estados Unidos (Kosoy *et al.*, 2015).

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Considerando as características particulares dos ambientes insulares, tais como altos níveis de endemismo, podemos depreender a susceptibilidade desses espaços aos movimentos migratórios de aves, que podem amplificar doenças infecciosas, e aos desequilíbrios ambientais através da introdução de espécies exóticas e de outras ações antrópicas que permitem a disseminação de diversos patógenos, os quais não comprometem apenas a biodiversidade como também afetam a saúde pública.

Observamos, pelas leituras, que as migrações humanas e o tráfego marítimo relacionado à comercialização de produtos e ao tráfico de escravos foram uns dos fatores mais proeminentes que consolidaram a disseminação de vetores capazes de causar as arboviroses que acometem, principalmente, os países tropicais. Além disso, verificamos como o aumento das temperaturas – decorrente do aquecimento global intensificado pelas populações humanas – assume um caráter sistêmico no que tange as reações em cascata relacionadas à intensificação do *El Niño-Southern Oscillation* (ENSO), ao aumento dos níveis dos oceanos e às alterações nas dinâmicas de transmissão de diversas doenças.

Todavia, apesar das dinâmicas de transmissão das doenças associadas a ilhas serem relevantes para garantirmos um turismo responsável e evitarmos que patógenos endêmicos se dispersem e prejudiquem outras espécies, observa-se a falta de estudos e pesquisas vinculados à presença desses e dos vetores nesses ambientes.

Os ambientes insulares podem ser considerados como uma extensão de alguns continentes, por terem curtas distâncias entre os espaços insulares e uma intensa movimentação humana, como exemplificamos pelo Caribe. Com isso, além de necessitarmos de estudos e investimentos em métodos eficazes e ecológicos para reduzirmos os impactos causados pelos seres humanos nesses espaços, precisamos compreender efetivamente como as populações humanas apropriam-se deles e como essas formas de ocupação relacionam-se com as doenças emergentes, para que maneiras efetivas de controle epidemiológico sejam aplicadas.

REFERÊNCIAS

- ADOUCHIEF, S.; SMURA, T.; SANE, J.; VAPALAHTI, O.; KURKELA, S. Sindbis virus as a human pathogen: epidemiology, clinical picture and pathogenesis. **Reviews in Medical Virology**, v. 26, n. 4, p. 221–241, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/rmv.1876>. Acesso em: 10 ago. 2023.
- AGUIRRE-OBANDO, O. A.; NAVARRO-SILVA, M. A. How much is known about the genetic diversity of the Asian tiger mosquito? A systematic review. **Revista de la Universidad Industrial de Santander**, v. 49, n. 3, p. 422–437, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.18273/revsal.v49n3-2017001>. Acesso em: 23 jul. 2023.
- AIN-NAJWA, M. Y.; YASMIN, A. R.; OMAR, A. R.; ARSHAD, S. S.; ABU, J.; MOHAMMED, H. O.; KUMAR, K.; LOONG, S. K.; ROVIE-RYAN, J. J.; MOHD-KHARIP-SHAH, A. K. Evidence of West Nile virus infection in migratory and resident wild birds in west coast of peninsular Malaysia. **One Health**, v. 10, p. 1–7, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2020.100134>. Acesso em: 23 jul. 2023.
- ALBA, A.; VAZQUEZ, A. A.; HURTREZ-BOUSSÈS, S. Towards the comprehension of fasciolosis (re-)emergence: an integrative overview. **Parasitology**, v. 148, n. 4, p. 385–407, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S0031182020002255>. Acesso em: 16 set. 2023.
- ARUCH, S.; ATKINSON, C. T.; SAVAGE, A. F.; LAPOINTE, D. A. Prevalence and distribution of pox-like lesions, avian malaria, and mosquito vectors in Kīpahulu Valley, Haleakalā National Park, Hawaii, USA. **Journal of Wildlife Diseases**, v. 43, n. 4, p. 567–575, 2007. Disponível em: <https://doi.org/10.7589/0090-3558-43.4.567>. Acesso em: 12 jul. 2023.
- BARRÉ, N.; UILENBERG, G. Spread of parasites transported with their hosts: case study of two species of cattle tick. **Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics)**, v. 29, n. 1, p. 149–160, 2010. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.20506/rst.29.1.1969>. Acesso em: 11 ago. 2023.
- BARRO, P. J.; LIU, S. S.; BOYKIN, L. M.; DINSDALE, A. B. Bemisia tabaci: a statement of species status. **Annual Review of Entomology**, v. 56, p. 1–19, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-112408-085504>. Acesso em: 16 set. 2023.
- BASU, P.; BHATTACHARYA, S. A new dimension in the dengue epidemiology with special reference to the genetic diversity of the virus: a review. **International Journal of Fauna and Biological Studies**, v. 3, n. 3, p. 29–41, 2016. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Probal-Basu/publication/330578991_A_new_dimension_in_the_dengue_epidemiology_with_special_reference_to_the_genetic_diversity_of_the_virus_A_review/links/5c498e8c458515a4c73c7610/A-new-dimension-in-the-dengue-epidemiolo. Acesso em: 15 jul. 2023.
- BRUYN, A.; HARIMALALA, M.; ZINGA, I.; MABVAKURE, B. M.; HOAREAU, M.;

RAVIGNÉ, V.; WALTERS, M.; REYNAUD, B.; VARSANI, A.; HARKINS, G. W.; MARTIN, D. P.; LETT, J. M.; LEFEUVRE, P. Divergent evolutionary and epidemiological dynamics of cassava mosaic geminiviruses in Madagascar. **BMC Evolutionary Biology**, v. 16, n. 182, p. 1–21, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12862-016-0749-2>. Acesso em: 30 ago. 2023.

BURROUGHTS, T.; KNOBLER, S.; LEDERBERG, J. **The emergence of zoonotic diseases: understanding the impact on animal and human health**. Washington, D. C.: National Academy Press, 2002. 157 p.

CAI, W.; SANTOSO, A.; COLLINS, M.; DEWITTE, B.; KARAMPERIDOU, C.; KUG, J. S.; LENGAINNE, M.; MCPHADEN, M. J.; STUECKER, M. F.; TASCHETTO, A. S.; TIMMERMANN, A.; WU, L.; YEH, S. W.; WANG, G.; NG, B.; JIA, F.; YANG, Y.; YING, J.; ZHENG, X. T.; BAYR, T.; BROWN, J. R.; CAPOTONDI, A.; COBB, K. M.; GAN, B.; GENG, T.; HAM, Y. G.; JIN, F. F.; JO, H. S.; LI, X.; LIN, X.; MCGREGOR, S.; PARK, J. H.; STEIN, K.; YANG, K.; ZHANG, L.; ZHONG, W. Changing El Niño–Southern Oscillation in a warming climate. **Nature Reviews Earth and Environment**, v. 2, n. 9, p. 628–644, 2021. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1038/s43017-021-00199-z>. Acesso em: 14 jul. 2023.

CAO-LORMEAU, V. M. Tropical Islands as new hubs for emerging arboviruses. **Emerging Infectious Diseases**, v. 22, n. 5, p. 913–915, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.3201/eid2205.150547>. Acesso em: 14 jul. 2023.

CASTRO, I.; HOWE, L.; TOMPKINS, D. M.; BARRACLOUGH, R. K.; SLANEY, D. Presence and seasonal prevalence of Plasmodium spp. in a rare endemic New Zealand passerine (tieke or Saddleback, Philesturnus carunculatus). **Journal of Wildlife Diseases**, v. 47, n. 4, p. 860–867, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.7589/0090-3558-47.4.860>. Acesso em: 14 jul. 2023

CLARK, N. J.; CLEGG, S. M.; LIMA, M. R. A review of global diversity in avian haemosporidians (Plasmodium and Haemoproteus: Haemosporida): new insights from molecular data. **International Journal for Parasitology**, v. 44, n. 5, p. 329–338, 2014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.ijpara.2014.01.004>. Acesso em: 14 jul. 2023.

COHEN, A. Non-native bacterial and viral pathogens in ballast water: potential for impacts to ESA-listed species under NOAA's jurisdiction. **Center of Research on Aquatic Bioinvasions (CRAB)**, p. 1–85, 2010. Disponível em: https://d1wqtxts1xzle7.cloudfront.net/2004999/2010-Ballast_Water_Pathogens-libre.pdf?1390824726=&response-content-disposition=inline%3B+filename%3DCohen_A_N_2010_Non_native_Bacterial_and.pd&Expires=1688851607&Signature=c-VdTrKBcEt1235j4vpMTd8xy9iPshekPm-. Acesso em: 10 ago. 2023.

CROWTHER, M. A.; LIM, W. Systematic review and meta-analysis methodology. **Blood**, v. 116, n. 17, p. 3140–3146, 2010. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1182/blood-2010-05-280883>. Acesso em: 2 set. 2023.

DEFAYE, B.; MOUTAILLER, S.; PASQUALINI, V.; QUILICHINI, Y. A systematic

review of the distribution of tick-borne pathogens in wild animals and their ticks in the Mediterranean Rim between 2000 and 2021. **Microorganisms**, v. 10, n. 1858, p. 1–31, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/microorganisms10091858>. Acesso em: 13 ago. 2023.

DIETRICH, M.; GOMARD, Y.; LAGADEC, E.; RAMASINDRAZANA, B.; LE MINTER, G.; GUERNIER, V.; BENLALI, A.; ROCAMORA, G.; MARKOTTER, W.; GOODMAN, S. M.; DELLAGI, K.; TORTOSA, P. Biogeography of *Leptospira* in wild animal communities inhabiting the insular ecosystem of the western Indian Ocean islands and neighboring Africa. **Emerging Microbes and Infections**, v. 7, n. 1, p. 1–12, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0059-4>. Acesso em: 2 set. 2023.

DUFFY, D. C.; CAPECE, P. Biology and impacts of pacific Island invasive species: the domestic cat (*Felis catus*). **Pacific Science**, v. 66, n. 2, p. 173–212, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.2984/66.2.7>. Acesso em: 20 set. 2023.

FRENOT, Y.; CHOWN, S. L.; WHINAM, J.; SELKIRK, P. M.; CONVEY, P.; SKOTNICKI, M.; BERGSTROM, D. M. Biological invasions in the Antarctic: extent, impacts and implications. **Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society**, v. 80, n. 1, p. 45–72, 2005. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S1464793104006542>. Acesso em: 9 set. 2023.

GARA. **2022 African Swine Fever virus research review**. Insight Editing London, 2022. 160 p.

GARLICH-MILLER, J.; MACCRACKEN, J. G.; SNYDER, J.; MEEHAN, R.; MYERS, M.; WILDER, J. M.; LANCE, E.; MATZ, A. Status review of the Pacific Walrus (*Odobenus rosmarus divergens*). **US Fish and Wildlife Service**, p. 155, 2011. Disponível em: https://adfg.alaska.gov/static/species/specialstatus/pdfs/walrus_2011_status_review.pdf. Acesso em: 9 set. 2023.

GILLESPIE, R. G.; CLARIDGE, E. M.; GOODACRE, S. L. Biogeography of the fauna of French Polynesia: diversification within and between a series of hot spot archipelagos. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 363, n. 1508, p. 3335–3346, 2008. Disponível em: <https://doi.org/10.1098/rstb.2008.0124>. Acesso em: 15 jul. 2023.

GOUBERT, C.; MINARD, G.; VIEIRA, C.; BOULESTEIX, M. Population genetics of the Asian tiger mosquito *Aedes albopictus*, an invasive vector of human diseases. **Heredity**, v. 117, n. 3, p. 125–134, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/ece3.3514>. Acesso em: 20 jul. 2023.

GRAHAM, N. R.; GRUNER, D. S.; LIM, J. Y.; GILLESPIE, R. G. Island ecology and evolution: challenges in the Anthropocene. **Environmental Conservation**, v. 44, n. 4, p. 323–335, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S0376892917000315>. Acesso em: 22 ago. 2023.

GUCCIONE, C.; COLOMBA, C.; TOLOMEO, M.; TRIZZINO, M.; IARIA, C.; CASCIO,

A. Rickettsiales in Italy. **Pathogens**, v. 10, n. 2, p. 1–27, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/pathogens10020181>. Acesso em: 10 set. 2023.

HADJISTYLLI, M.; BROWN, J. K.; RODERICK, G. K. Tools and recent progress in studying gene flow population genetics of the Bemisia tabaci sibling species group. **Bemisia: Bionomics and Management of a Global Pest**, p. 1–35, 2010. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-90-481-2460-2_3. Acesso em: 10 set. 2023.

HAMOUDI, A.; SACHS, J. D. The changing global distribution of malaria: a review. **CID Working Paper**, n. 2, p. 1–31, 1999. Disponível em: <http://nrs.harvard.edu/urn-3:HUL.InstRepos:39297758>. Acesso em: 10 set. 2023.

HOWE, L.; CASTRO, I. C.; SCHOENER, E. R.; HUNTER, S.; BARRACLOUGH, R. K.; ALLEY, M. R. Malaria parasites (Plasmodium spp.) infecting introduced, native and endemic New Zealand birds. **Parasitology Research**, v. 110, n. 2, p. 913–923, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1007%2Fs00436-011-2577-z>. Acesso em: 13 jul. 2023.

JACOBSON, A. L.; DUFFY, S.; SSERUWAGI, P. Whitefly-transmitted viruses threatening cassava production in Africa. **Current Opinion in Virology**, v. 33, p. 167–176, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2018.08.016>. Acesso em: 2 ago. 2023.

JENK, A. L. **Revisión bibliográfica sobre la cabra doméstica asilvestrada Capra**. 2023. TCC (Graduação em Ciências Ambientais) - Universidad Zaragoza, 2023. Disponível em: <https://zaguan.unizar.es/record/124783/files/TAZ-TFG-2023-063.pdf>. Acesso em: 20 set. 2023.

JUNG, T.; PÉREZ-SIERRA, A.; DURÁN, A.; JUNG, M. H.; BALCI, Y.; SCANU, B. Canker and decline diseases caused by soil- and airborne Phytophthora species in forests and woodlands. **Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, v. 40, p. 182–220, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.3767/persoonia.2018.40.08>. Acesso em: 3 set. 2023.

KESSLER, M. K.; BECKER, D. J.; PEEL, A. J.; JUSTICE, N. V.; LUNN, T.; CROWLEY, D. E.; JONES, D. N.; EBY, P.; SÁNCHEZ, C. A.; PLOWRIGHT, R. K. Changing resource landscapes and spillover of henipaviruses. **Annals of the New York Academy of Sciences**, v. 1429, n. 1, p. 1–22, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/nyas.13910>. Acesso em: 3 set. 2023.

KHAN, M. S.; JI, S.-H.; CHUN, S. C. Begomoviruses and their emerging threats in South Korea: a review. **Plant Pathology Journal**, v. 28, n. 2, p. 123–136, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.5423/PPJ.2012.28.2.123>. Acesso em: 3 set. 2023.

KLAPSING, P.; MACLEAN, J. D.; GLAZE, S.; MCCLEAN, K. L.; DREBOT, M. A.; LANCIOTTI, R. S.; CAMPBELL, G. L. Ross river virus disease reemergence, Fiji, 2003–2004. **Emerging Infectious Diseases**, v. 11, n. 4, p. 613–615, 2005. Disponível em: <https://doi.org/10.3201%2F1104.041070>. Acesso em: 16 jul. 2023.

KLINE, D. I.; VOLLMER, S. V. White Band Disease (type I) of endangered caribbean

acroporid corals is caused by pathogenic bacteria. **Scientific Reports**, v. 1, n. 7, p. 1–5, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1038%2Fsrep00007>. Acesso em: 10 ago. 2023.

KOSOY, M.; KHLIYAP, L.; COSSON, J. F.; MORAND, S. Aboriginal and invasive rats of genus *rattus* as hosts of infectious agents. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**, v. 15, n. 1, p. 3–12, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1089/vbz.2014.1629>. Acesso em: 30 jul. 2023.

KRASTEVA, S.; JARA, M.; FRIAS-DE-DIEGO, A.; MACHADO, G. Nairobi Sheep Disease Virus: a historical and epidemiological perspective. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 7, n. 419, p. 1–15, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00419>. Acesso em: 3 set. 2023.

KRAUS, F. Impacts from invasive reptiles and amphibians. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 46, p. 75–97, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-112414-054450>. Acesso em: 30 jul. 2023.

LABUDA, M.; NUTTALL, P. A. Tick-borne viruses. **Parasitology**, v. 129, p. 221–245, 2004. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S0031182004005220>. Acesso em: 27 jul. 2023.

LAPOINTE, D. A.; ATKINSON, C. T.; SAMUEL, M. D. Ecology and conservation biology of avian malaria. **Annals of the New York Academy of Sciences**, v. 1249, n. 1, p. 211–226, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2011.06431.x>. Acesso em: 12 jul. 2023.

LAPOINTE, D. A.; GOFF, M. L.; ATKINSON, C. T. Comparative susceptibility of introduced forest-dwelling mosquitoes in Hawaii to avian malaria, *Plasmodium relictum*. **Journal of Parasitology**, v. 91, n. 4, p. 843–849, 2005. Disponível em: <https://doi.org/10.1645/ge-3431.1>. Acesso em: 15 jul. 2023.

LEE, G. Y. H.; LIM, C. T. Biomechanics approaches to studying human diseases. **Trends in Biotechnology**, v. 25, n. 3, p. 111–118, 2007. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0167779907000212?casa_token=k6E--gN8XU4AAAAA:L14I8W1FQvhdamXm8LR5DCjKvv3QnHID-ICfvuHlfog6gpgx5bkU3oYlioN7KsDrk752leoGAbiw. Acesso em: 21 jul. 2023.

LEISNHAM, P.; LESTER, P.; SLANEY, D.; WEINSTEIN, P. Anthropogenic landscape change and vectors in New Zealand: effects of shade and nutrient levels on mosquito productivity. **Eco Health**, v. 1, n. 3, p. 306–316, 2004. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1007/s10393-004-0026-5>. Acesso em: 3 set. 2023.

LIN, M.; LIN, T.; JONES, L.; LIU, X.; XING, L.; SUI, J.; ZHANG, J.; YE, H.; LIU, Y.; ZHANG, G.; LU, X. Quantitatively assessing ecological stress of urbanization on natural ecosystems by using a landscape-adjacency index. **Remote Sensing**, v. 13, n. 7, p. 1–16, 2021. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2072-4292/13/7/1352>. Acesso em: 31 jul. 2023.

LOTIFY, W. M. Current perspectives on the spread of plague in Africa. **Research and**

Reports in Tropical Medicine, v. 6, p. 21–30, 2015. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.2147/RRTM.S63522>. Acesso em: 2 set. 2023.

MALATHI, V. G.; DEVI, P. R. ssDNA viruses: key players in global virome. **Virus Disease**, v. 30, n. 1, p. 3–12, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1007%2Fs13337-019-00519-4>. Acesso em: 2 set. 2023.

MAS-COMA, S.; VALERO, M. A.; BARGUES, M. D. Fasciola, lymnaeids and human fascioliasis, with a global overview on disease transmission, epidemiology, evolutionary genetics, molecular epidemiology and control. **Advances in Parasitology**, v. 69, n. 9, p. 41–146, 2009. Disponível em: [https://doi.org/10.1016/S0065-308X\(09\)69002-3](https://doi.org/10.1016/S0065-308X(09)69002-3). Acesso em: 2 set. 2023.

MAS-COMA, S.; VALERO, M. A.; BARGUES, M. D. Human fascioliasis infection sources, their diversity, incidence factors, analytical methods and prevention measures. **Parasitology**, v. 145, n. 13, p. 1–35, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S0031182018000914>. Acesso em: 2 set. 2023.

MAS-COMA, S.; VALERO, M. A.; BARGUES, M. D. Human and Animal Fascioliasis: Origins and Worldwide Evolving Scenario. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 35, n. 4, p. 1–96, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/cmr.00088-19>. Acesso em: 2 set. 2023.

MAVIAN, C.; DULCEY, M.; MUNOZ, O.; SALEMI, M.; VITTOR, A. Y.; CAPUA, I. Islands as hotspots for emerging mosquito-borne viruses: a one-health perspective. **Viruses**, v. 11, n. 1, p. 1–28, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/v11010011>. Acesso em: 24 jul. 2023.

MCALPINE, K. G.; WOTTON, D. M. Conservation and the delivery of ecosystem services: a literature review. **Science for Conservation**, p. 5–81, 2019. Disponível em: https://library.sprep.org/sites/default/files/345_0.pdf.

MCCOY, K. D.; DIETRICH, M.; JAEGER, A.; WILKINSON, D. A.; BASTIEN, M.; LAGADEC, E.; BOULINIER, T.; PASCALIS, H.; TORTOSA, P.; LE CORRE, M.; DELLAGI, K.; LEBARBENCHON, C. The role of seabirds of the Iles Eparses as reservoirs and disseminators of parasites and pathogens. **Acta Oecologica**, v. 72, p. 1–12, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.actao.2015.12.013>. Acesso em: 2 set. 2023.

MORGAN, E. R.; MODRY, D.; PAREDES-ESQUIVEL, C.; FORONDA, P.; TRAVERSA, D. Angiostrongylosis in animals and humans in Europe. **Pathogens**, v. 10, n. 10, p. 1–16, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/pathogens10101236>. Acesso em: 2 set. 2023.

MOULDING, A.; LADD, M. **Staghorn coral (*Acropora cervicornis*), elkhorn coral (*Acropora palmata*), lobed star coral (*Orbicella annularis*), mountainous star coral (*Orbicella faveolata*), boulder star coral (*Orbicella franksi*), rough cactus coral (*Mycetophyllia ferox*), and pillar cor.** Saint Petersburg: National Marine Fishers Service Southeast Regional Office, 2022. 108 p.

NATIONAL RESEARCH COUNCIL. **The scientific bases for the preservation of the Hawaiian Crow**. Washington, DC: The National Academies Press, 1992. 148 p.

ODONGO, N. E.; GARCIA, M.; VILJOEN, G. J. **Sustainable improvement of animal production and health**. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2010. p. 277–284.

OLIVEIRA, P. A.; ALVES, D. M.; ZAMBONI, R.; SCHEID, H. V.; ALBERTI, T. S.; MARCOLONGO-PEREIRA, C.; SCHILD, A. L.; SALLIS, E. S. V. Babesiose cerebral em bezerros. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, v. 38, n. 5, p. 832–834, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/1678-5150-PVB-5424>. Acesso em: 13 ago. 2023.

ORROCK, J. L.; ALLAN, B. F.; DROST, C. A. Biogeographic and ecological regulation of disease: prevalence of sin sombre virus in island mice is related to island area, precipitation, and predator richness. **American Naturalist**, v. 177, n. 5, p. 691–697, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1086/659632>. Acesso em: 2 ago. 2023.

PAVLOVSKY, E. N. **Natural nidity of transmissible diseases**. University of Illinois Press, Urbana and London, 1966.

PÉRÉFARRES, F.; THIERRY, M.; BECKER, N.; LEFEUVRE, P.; REYNAUD, B.; DELATTE, H.; LETT, J. M. Biological invasions of geminiviruses: case study of TYLCV and bemisia tabaci in reunion island. **Viruses**, v. 4, n. 12, p. 3665–3688, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/v4123665>. Acesso em: 5 set. 2023.

PIGNATTI, M. G. Saúde e ambiente: as doenças emergentes no Brasil. **Ambiente & Sociedade**, v. 7, n. 1, p. 133–147, 2004. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/asoc/a/tfHF5BGpfWcbwvxS3h66r7d/?lang=pt>. Acesso em: 17 jul. 2023.

PRAHALAD, V.; KIRKPATRICK, J. B.; AALDERS, J.; CARVER, S.; ELLISON, J.; HARRISON-DAY, V.; MCQUILLAN, P.; MORRISON, B.; RICHARDSON, A.; WOEHLER, E. Conservation ecology of Tasmanian coastal saltmarshes, south-east Australia: a review. **Pacific Conservation Biology**, v. 26, n. 2, p. 105–129, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1071/PC19016>. Acesso em: 17 set. 2023.

RAMANANTSALAMA, R. V.; GOODMAN, S. M.; DIETRICH, M.; LEBARBENCHON, C. Interaction between Old World fruit bats and humans: from large scale ecosystem services to zoonotic diseases. **Acta Tropica**, v. 231, n. April, p. 106462, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2022.106462>. Acesso em: 18 set. 2023.

RAPPOLE, J. H.; HUBÁLEK, Z. Migratory birds and West Nile virus. **Journal of Applied Microbiology Symposium Supplement**, v. 94, n. 32, p. 47–58, 2003. Disponível em: <https://doi.org/10.1046/j.1365-2672.94.s1.6.x>. Acesso em: 29 ago. 2023.

REBAUDET, S.; SUDRE, B.; FAUCHER, B.; PIARROUX, R. Cholera in Coastal

Africa: a systematic review of its heterogeneous environmental determinants. **Journal of Infectious Diseases**, v. 208, n. 1, p. 98–106, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/infdis/jit202>. Acesso em: 29 ago. 2023.

REPERANT, L. A. Applying the theory of island biogeography to emerging pathogens: Toward predicting the sources of future emerging zoonotic and vector-borne diseases. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**, v. 10, n. 2, p. 105–110, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1089/vbz.2008.0208>. Acesso em: 12 jul. 2023.

RUEDA, L. M.; PATEL, K. J.; AXTELL, R. C.; STINNER, R. E. Temperature-dependent development and survival rates of *Culex quinquefasciatus* and *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae). **Journal of Medical Entomology**, v. 27, n. 5, p. 892–898, 1990. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/jmedent/27.5.892>. Acesso em: 12 jul. 2023.

RUPPRECHT, C. E.; MSHELBWALA, P. P.; REEVES, R. G.; KUZMIN, I. V. Rabies in a postpandemic world: resilient reservoirs, redoubtable riposte, recurrent roadblocks, and resolute recidivism. **Animal Diseases**, v. 3, n. 1, p. 1–27, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s44149-023-00078-8>. Acesso em: 14 set. 2023.

RUSSELL, J. C.; KUEFFER, C. Island biodiversity in the Anthropocene. **Annual Review of Environment and Resources**, v. 44, p. 31–60, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S1464793104006542>. Acesso em: 7 set. 2023.

SABROZA, P. C.; KAWA, H. & CAMPOS, W. S. Q. Doenças transmissíveis, ainda um desafio. In: SABROZA, P. C.; KAWA, H. & CAMPOS, W. S. Q. **Os muitos Brasis: saúde e população na década de 80**. São Paulo: Hucitec, 1995. p. 177-244.

SCHUFFENECKER, I.; ITEMAN, I.; MICHAULT, A.; MURRI, S.; FRANGEUL, L.; VANEY, M. C.; LAVENIR, R.; PARDIGON, N.; REYNES, J. M.; PETTINELLI, F.; BISCORNET, L.; DIANCOURT, L.; MICHEL, S.; DUQUERROY, S.; GUIGON, G.; FRENKIEL, M. P.; BRÉHIN, A. C.; CUBITO, N.; DESPRÈS, P.; KUNST, F.; REY, F. A.; ZELLER, H.; BRISSE, S. Genome microevolution of chikungunya viruses causing the Indian Ocean outbreak. **PLoS Medicine**, v. 3, n. 7, p. 1058–1070, 2006. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.0030263>. Acesso em: 7 set. 2023.

SILVA, L. J. da. O conceito de espaço na epidemiologia das doenças infecciosas. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 13, n. 4, p. 585–593, 1997. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/csp/a/cBPpZKKW4ZKWymzGPcyk83C/>. Acesso em: 7 set. 2023.

SISSOKO, D.; GIRY, C.; GABRIE, P.; TARANTOLA, A.; PETTINELLI, F.; COLLET, L.; D'ORTENZIO, E.; RENAULT, P.; PIERRE, V. Rift Valley Fever, Mayotte, 2007–2008. **Emerging Infectious Diseases**, v. 15, n. 4, p. 568–570, 2009. Disponível em: <https://doi.org/10.3201%2F1504.081045>. Acesso em: 30 ago. 2023.

SMITH, K. F.; GUÉGAN, J. F. Changing geographic distributions of human

pathogens. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 41, p. 231–250, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-102209-144634>. Acesso em: 30 ago. 2023.

STEPHENS, S.; DANIEL, R. **Appendix H: conceptual models and ecological overview of Pacific Island network ecosystems**. [s.l: s.n.]149 p.

TIMMERMAN, A.; AN, S. II; KUG, J. S.; JIN, F. F.; CAI, W.; CAPOTONDI, A.; COBB, K.; LENGAGNE, M.; MCPHADEN, M. J.; STUECKER, M. F.; STEIN, K.; WITTENBERG, A. T.; YUN, K. S.; BAYR, T.; CHEN, H. C.; CHIKAMOTO, Y.; DEWITTE, B.; DOMMENGET, D.; GROTHE, P.; GUILYARDI, E.; HAM, Y. G.; HAYASHI, M.; INESON, S.; KANG, D.; KIM, S.; KIM, W. M.; LEE, J. Y.; LI, T.; LUO, J. J.; MCGREGOR, S.; PLANTON, Y.; POWER, S.; RASHID, H.; REN, H. L.; SANTOSO, A.; TAKAHASHI, K.; TODD, A.; WANG, G.; WANG, G.; XIE, R.; YANG, W. H.; YEH, S. W.; YOON, J.; ZELLER, E.; ZHANG, X. El Niño–Southern Oscillation complexity. **Nature**, v. 559, n. 7715, p. 535–545, 2018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1038/s41586-018-0252-6>. Acesso em: 21 ago. 2023.

TONG, D. Q.; GILL, T. E.; SPRIGG, W. A.; VAN PELT, R. S.; BAKLANOV, A. A.; BARKER, B. M.; BELL, J. E.; CASTILLO, J.; GASSÓ, S.; GASTON, C. J.; GRIFFIN, D. W.; HUNEEUS, N.; KAHN, R. A.; KUCIAUSKAS, A. P.; LADINO, L. A.; LI, J.; MAYOL-BRACERO, O. L.; MCCOTTER, O. Z.; MÉNDEZ-LÁZARO, P. A.; MUDU, P.; NICKOVIC, S.; OYARZUN, D.; PROSPERO, J.; RAGA, G. B.; RAYSONI, A. U.; REN, L.; SARAFOGLOU, N.; SEALY, A.; SUN, Z.; VIMIC, A. V. Health and safety effects of airborne soil dust in the Americas and beyond. **Reviews of Geophysics**, v. 61, n. 2, p. 1–52, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1029/2021RG000763>. Acesso em: 7 set. 2023.

TORCHIN, M. E.; LAFFERTY, K. D.; KURIS, A. M. Parasites and marine invasions. **Parasitology**, v. 124, n. 7, p. 137–151, 2002. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/s0031182002001506>. Acesso em: 7 set. 2023.

TORTOSA, P.; PASCALIS, H.; GUERNIER, V.; CARDINALE, E.; LE CORRE, M.; GOODMAN, S. M.; DELLAGI, K. Deciphering arboviral emergence within insular ecosystems. **Infection, Genetics and Evolution**, v. 12, n. 6, p. 1333–1339, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.meegid.2012.03.024>. Acesso em: 30 ago. 2023.

VALKIUNAS, G. **Avian Malaria Parasite and other Haemosporidia**. Boca Raton Florida: CRC Press, 2005.

VAN RIPER III, C.; VAN RIPER, S. G. ; GOFF, M. . L.; LAIRD, M. The epizootiology and ecological significance of malaria in hawaiian land birds. **Ecological Monographs**, v. 56, n. 4, p. 327–344, 1986. Disponível em: <https://doi.org/10.2307/1942550>. Acesso em: 29 ago. 2023.

VIDOTTO, O.; MARANA, E. R. M. Diagnóstico em anaplasmoses bovina. **Ciência Rural**, v. 31, n. 2, p. 361–368, 2001. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782001000200028>. Acesso em: 3 set. 2023.

VIORST, J. **Perdas necessárias**. Tradução: Aulyde Soares Rodrigues. São Paulo: Editora Melhoramentos. 2005.

WELBURN, S. C.; MAUDLIN, I. **Priorities for the elimination of sleeping sickness**. [s.l.] Elsevier, 2012. p. 299–337.

WORK, T. H. Introductory review of tickborne and associated virus diseases. **Symposium**, v. 20, p. 113–172, 1967. Disponível em: https://doi.org/10.7883/yoken1952.20.Supplement_113. Acesso em: 7 set. 2023.