



## A ORIGEM DA COVID-19: O QUE SUGEREM AS NOVAS PESQUISAS?

The origin of covid-19: what do the new researches suggest?

Daniela Aparecida Pacífico<sup>1</sup>, Agnes Vitória Del Sent Cadore<sup>2</sup> e Aline Martins Hoepers<sup>3</sup>

### RESUMO

A presente Nota Crítica tem como objetivo refletir sobre a origem do novo coronavírus em sua interface com o sistema agroalimentar. Para tal, foram analisados textos de opinião, relatórios, artigos científicos e materiais selecionados em revisão de imprensa, durante os meses de março e abril de 2020, sobre a origem da Covid-19. Do ponto de vista da sociologia das controvérsias da ciência, os documentos analisados evidenciaram disputas de narrativas sobre o percurso originário do novo coronavírus. Por mais que haja esforços para compreensão da Covid-19, sua história ainda não é totalmente conhecida, embora os vínculos entre saúde humana e saúde animal não poderiam ser mais claros. Os especialistas têm sido unânimes ao afirmarem que é preciso (i) uma abordagem interdisciplinar, integrada e colaborativa entre diferentes disciplinas para dar conta das patologias da mundialização, (ii) uma ciência cidadã que considere os atores, seus territórios, e que reconheça a natureza também dotada de direitos para se encontrar possibilidades seguras para um mundo pós coronavírus, e (iii) uma saúde global única (One Health) capaz de reconectar com o ambiente e democratizar a vida.

**Palavras-chave:** Quilombos. Agricultura Familiar. Agroecologia.

### ABSTRACT

<sup>1</sup> Professora Adjunta no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), campus Florianópolis. Coordenadora do Grupo de Estudos em Ciência, Tecnologia e Sociedade. E-mail: daniela.pacifico@ufsc.br

<sup>2</sup> Estudante do curso de graduação em Agronomia UFSC, campus Florianópolis. Membro Grupo de Estudos em Ciência, Tecnologia e Sociedade. E-mail: delsemtagnes19@gmail.com

<sup>3</sup> Estudante do curso de graduação em Agronomia UFSC, campus Florianópolis. Membro do Grupo de Estudos em Ciência, Tecnologia e Sociedade. E-mail: alinehoepers@gmail.com

This Critical Note aims to reflect on the origin of the new coronavirus in interface with the agri-food system. To this end, opinion texts, reports, scientific articles and materials selected in a press review, during the months of March and April 2020, on the origin of Covid-19 were analyzed. From the point of view of the sociology of science controversies, the documents analyzed show disputes over narratives about the original of the new coronavirus. As much as there are efforts to understand Covid-19, its history is not yet fully known, although the links between human health and animal health could not be clearer. The experts have been unanimous in stating that it is necessary (i) an interdisciplinary approach, integrated and collaborative between different disciplines to account for the pathologies of globalization, (ii) a citizen science that considers the actors, their territories, and that recognizes nature also endowed with rights to find safe possibilities for a post-coronavirus world, and (iii) a One Health global capable of reconnecting with the environment and democratizing life.

**Keywords:** Quilombos. Family Farming. Agroecology

**Recebido em:** 14/04/2020

**Aceito para publicação em:** 07/06/2020

**Correspondência para:**  
daniela.pacifico@ufsc.br

## Introdução

Com a chegada da pandemia *Coronavirus Disease 2019* (doença do coronavírus expressa em sua forma contraída Covid-19) ao Ocidente, em janeiro de 2020, atingindo a Europa e, em seguida, às Américas, multiplicaram-se nas mídias informações sobre o número de casos confirmados, de óbitos e de estratégias dos governos nacionais para contê-la. No mesmo ritmo, espalharam-se as reflexões acerca de sua origem, seus impactos na vida social, econômica e política, as possibilidades de enfrentamento mediante controle sanitário por meio de quarentena e distanciamento social, atendimento hospitalar, e elaboração de planos de retomada progressiva das atividades.

Desde então, inúmeras instituições têm produzido diuturnamente conteúdos de cunho analítico, textos críticos e de opinião, relatórios e artigos científicos que evidenciam, sobretudo, temores, dúvidas, controvérsias e a “política da crise”. Essas instituições são centros de pesquisas e laboratórios ligados às universidades de diferentes áreas do conhecimento e países, organismos internacionais do sistema das Nações Unidas (ONU), assim como organizações internacionais autônomas e movimentos sociais, além de jornais de grande circulação (online e impressos), blogs políticos e ambientalistas, revistas acadêmicas, e têm se concentrado em publicar conteúdos sobre: histórias das epidemias no mundo; origem dos vírus e do coronavírus; a centralidade dos Estados no combate de pandemias; os múltiplos impactos da Covid-19 na vida social, bem como seus efeitos na economia e no abastecimento alimentar; além da relação entre o surgimento do novo coronavírus com a saúde do planeta.

E não poderia ser diferente! A pandemia da Covid-19 – assim como as outras antes dela – nos convida a pensar sobre os mecanismos em funcionamento nas sociedades e em como as epidemias não atacam apenas os corpos. Elas são verdadeiros atores históricos e sociais que materializam – ao mesmo tempo em que fragilizam – as construções sociais, políticas e econômicas.

Esta Nota Crítica se vincula ao grupo de reflexões sobre a origem do novo coronavírus em sua interface com o sistema agroalimentar, especificamente em relação à produção de carnes. Para tal, foram analisados textos de opinião, relatórios e artigos científicos publicados nos *Carnet de l'EHESS: perspective sur les coronavirus* e materiais selecionados pela revisão de imprensa *Coronavirus: regards de l'EHESS*, durante os meses de março e abril de 2020, sobre o tema: a origem da Covid-19.

Do ponto de vista da sociologia das controvérsias da ciência, os documentos analisados – cujas narrativas disputam o percurso originário do novo coronavírus – têm como ponto de partida a saída do vírus de alguma espécie de morcego e, como ponto de chegada, já em forma de Covid-19, os seres humanos, em novembro de 2019, primeiramente na China, se espalhando, em seguida, para o restante do mundo.

Por mais que haja esforços para compreensão da Covid-19, sua história ainda não é totalmente conhecida, embora os vínculos entre saúde humana e animal não poderiam ser mais claros (FOER e GROSS, 2020). É sobre essa base de conhecimento acumulado que têm sido construídas as narrativas que buscam explicar em qual ponto do percurso houve a mudança antigênica, isso é, de um vírus já existente e conhecido, o coronavírus, para um tipo novo, o SARS-CoV-2, um novo coronavírus que provoca a Covid-19, e quais outros animais – possivelmente hospedeiros intermediários – estiveram envolvidos no processo de mudança antigênica.

E por que é tão importante para os cientistas, tanto das ciências naturais quanto das humanas e sociais, compreender e explicar a origem e o percurso do novo coronavírus? Esse é um tipo de questão de alta complexidade sociológica e, por mais que sua resposta possa parecer óbvia, não o é justamente porque quando a “caixa preta” da explicação científica se fechar se encerrará a controvérsia, a disputa entre as narrativas científicas que explicam a origem do novo coronavírus. Ou seja, a narrativa que for eleita como *oficial* da pandemia – escolhida pela comunidade científica – orientará o conjunto de medidas e estratégias (ou não) de prevenção e de combate a novos surtos pandêmicos. À vista disso, o que nós, enquanto sociedade, precisamos saber, é que a comunidade científica é heterogênea de opiniões, de métodos, de explicações, e de posições políticas, e que pode ser que existam múltiplas evidências científicas, e que as bases da decisão por uma narrativa ou outra estejam fundadas sobre mais possibilidades do que se imagina.

O esforço empreendido aqui é o de reunir elementos dispersos na literatura que conectam, sobretudo, a pandemia a uma cadeia produtiva do sistema agroalimentar global. Desse modo, ao tomarmos a controvérsia científica como um fenômeno social permeado de interesses de grupos e jogos

políticos, é possível capturarmos o sentido das narrativas vigentes acerca do caminho constitutivo do novo coronavírus.

### Os cenários e os percursos explicativos

Os documentos analisados mostraram dois cenários a partir de narrativas científicas, são eles:

(1) o da *transmissão direta do vírus do animal selvagem para os humanos*, no qual especialistas afirmam se tratar de uma possibilidade, embora rara, mas que há de se considerar devido a duas observações: a) ao aumento da interação entre humanos e animais selvagens, principalmente por conta da ocupação acelerada dos espaços naturais (por parte dos humanos), sendo a crise ambiental e seus impactos na saúde humana e animal o argumento explicativo da pandemia, e b) ao consumo de carne de animais selvagens, especificamente na Ásia, atribuído a uma construção cultural de hábitos festivos e alimentares, por vezes tradicionais, altamente elitizados, que em grande medida vêm sendo explicados de forma estigmatizante e determinista.

(2) o da *transmissão indireta do vírus do animal selvagem para animais domesticados (possíveis hospedeiros intermediários) e, destes, para os humanos*. Nesse cenário, foi possível observar dois percursos em que o vírus passou por hospedeiros intermediários antes de chegar aos humanos. No primeiro, animais selvagens portadores do coronavírus teriam entrado em contato com animais domésticos, os de estimação como hamster, gatos e cachorros, e/ou os criados à solta como galinhas e porcos, que teriam hospedado a mudança antigênica do coronavírus para o novo coronavírus e, em seguida, transmitido para os humanos. No segundo percurso desse cenário, a transmissão do coronavírus teria sido de animais selvagens para animais confinados em sistemas de produção e, em seguida, para os humanos. Nesse último, o ambiente do confinamento dotado de concentração de animais com baixa diversidade genética, alta densidade populacional, tratados com altas doses de medicamentos, com alimentação à base de ração transgênica, teria oferecido condições para que o coronavírus fosse submetido a uma pressão de seleção, ora uma mutação (RIBEIRO, 2020).

Nos dois percursos, os animais domesticados (sejam os de estimação, os criados à solta ou os confinados) teriam contraído o coronavírus e, a partir de um processo de mudança antigênica, teria surgido o novo coronavírus. Do ponto de vista científico, esses animais seriam os hospedeiros intermediários da doença. A pergunta é: dentre os cenários apresentados, quais dos percursos descritos realmente reúnem as possíveis condições para que determinados vírus gerem doenças, epidemias e pandemias?

### Narrativas, atores e vetores da transmissão

Em ambos os cenários existem variações importantes que precisam ser consideradas, principalmente, porque descobertas mais recentes têm mostrado menor interesse da comunidade científica por alguns percursos.

No cenário *“transmissão direta do animal selvagem para os humanos”*, ao que se refere ao percurso da intensificação da interação por meio da ocupação dos espaços, habitats dos animais selvagens, cuja centralidade da crítica está na crise ambiental e no papel do sistema econômico, alguns poucos estudos têm estado em evidência neste momento. Por sua vez, há estudos, como os da virologista Shi Zhengli, que se referem à transmissão direta a partir do seguinte ponto de vista: “nas proximidades desses caldeirões virais [referindo-se às cavernas de morcegos, em um local determinado na China], você não precisa ser comerciante de animais selvagens para ser infectado” (QIU, 2020). Quanto à hipótese de transmissão via consumo de carne de animais selvagens, observa-se um interesse, principalmente da mídia, mas também de alguns cientistas (DIDIER, 2020), de imaginar que a transmissão possa ter advindo do consumo de próprio morcego (SPINOSA et al., 2020) e/ou de outros animais selvagens contaminados por ele, comercializados e consumidos na China (SPINNEY et al., 2020).

O estudo realizado por pesquisadores do *Scripps Research Institute*, na Califórnia, publicado na Revista *Nature Medicine*, em 17/03/2020, denominado *The proximal origin of SARS-COV2*, propõe dois cenários para explicar de maneira plausível a origem do SARS-CoV-2: “(i) seleção natural em um hospedeiro animal antes da transferência zoonótica; e (ii) seleção natural em humanos após transferência zoonótica” (ANDERSEN et al., p. 450, tradução nossa). O estudo explica como é possível

que um progenitor de SARS-CoV-2 tenha saltado para humanos, adquirindo as características genômicas atuais através de uma adaptação durante transmissão de humano para humano, não detectada anteriormente à pandemia. Entretanto, ainda segundo o próprio estudo, todos os genomas do SARS-CoV-2 sequenciados até agora mostraram que ele é derivado de um ancestral que já os possuía também (uma espécie que já convivesse com o coronavírus), o que não é o caso dos humanos, porque pressupõe um período de transmissão não reconhecido, o que também parece ser pouco provável por necessitar de muitos eventos zoonóticos anteriores que tivessem produzido cadeias curtas de transmissão entre humanos, por um longo período (ANDERSEN et al., 2020, p. 451).

Eis que estudos começam a vasculhar quais possíveis espécies teriam o ancestral do SARS-CoV-2, isso é, sendo esse o novo coronavírus, a espécie animal hospedeira teria que ter o ancestral deste, algum tipo de coronavírus (já que existem muito tipos). E no bojo desta investigação, o pangolim desponta como principal suspeito, não por acaso. Trata-se de uma espécie comercializada e estudada na China para fins de produção e testes com medicamentos. Os pangolins são animais que possuem por natureza o denominado “ancestral”, isso é, convivem com o coronavírus em seu organismo, como tantos outros animais na natureza, que se pressupõem terem sido contaminados por morcegos portadores de coronavírus. Para além do cenário 1, também no cenário 2, os pangolins têm sido apontado como suspeito em estudos que têm considerado a “*transmissão indireta, do animal selvagem para animais domesticados e, em seguida, para humanos*”, por terem sido identificados com um domínio de ligação ao receptor (RBD) muito semelhante ao SARS-CoV-2 (ANDERSEN et al., 2020). Isso é, ao ter sido contaminado por morcego portador de um coronavírus, em seu organismo pode ter ocorrido mutação e, já na forma de doença ter sido transmitida para animais domesticados (de estimação, os criados à solta, e os em confinamento), ou para os humanos. Não há consenso sobre a forma de transmissão a partir do pangolim.

O que parece haver é uma menor intenção de investigar animais de estimação como hamster, gatos e cachorros partindo do ponto de vista que eles possam ser os hospedeiros intermediários (FRANÇA-ANSES, 2020a). Por sua vez, o estudo de Qiu et al. (2020) mostrou, com certo tom de surpresa, que a partir de cruzamentos realizados “não é estranho que esses animais [dentre eles os gatos] pudessem servir como potenciais hospedeiros intermediários da SARS-CoV-2” (QIU et al., 2020, p.3). Esse percurso não é o único em que se observa uma menor intenção de investigação. O percurso que levanta questionamentos quanto ao ambiente de confinamento dos animais em sistemas de produção industrial também não é o preferido dos pesquisadores, pelo contrário (FRANÇA-ANSES, 2020b). Observa-se que as atenções estão sobre o papel do pangolim na transmissão para humanos. O painel de especialistas constituído por dirigentes de 16 (dezesesseis) organismos franceses de pesquisa (PAINEL, 2020), em coletiva ao Jornal Le Monde, reiteraram que as primeiras análises genéticas do SARS-CoV-2 mostraram que para ele ter chegado à forma atual da Covid-19 foi preciso haver um intermediário para que, por recombinação e mutação, adquirisse capacidade de infectar seres humanos. De acordo com o Painel, uma das hipóteses é que esse intermediário seja o pangolim, a outra é que sejam animais confinados. As seções seguintes apresentam os elementos de cada um dos debates em torno dessas hipóteses.

### Dos animais selvagens: o pangolim

De acordo com o Painel de Especialistas em coletiva ao Jornal, os fatos são: foi observado que o SARS-CoV-2 pertence ao mesmo grupo de betacoronavírus que o RaTG13, isolado em espécies de morcegos da província chinesa de Ynnan, e que outro vírus mais próximo ao SARS-CoV-2 foi isolado em pangolins da Malásia. Isso tem sugerido que o SARS-CoV-2 seja resultado de uma recombinação entre um vírus próximo ao do morcego (RaTG13) e outro próximo ao do pangolim. Nessa mesma linha, o estudo citado anteriormente, de Andersen et al. (2020), mostra que:

(...) os pangolins malaios (*Manis javanica*) importados ilegalmente na província de Guangdong contêm coronavírus semelhantes ao SARS-CoV-2. Embora o vírus do morcego RaTG13 permaneça o mais próximo do SARS-CoV-2 no genoma<sup>1</sup>, alguns coronavírus de pangolins exibem forte semelhança com o SARS-CoV-2 na RBD, incluindo todos os seis principais resíduos de RBD. Isso mostra claramente que uma das proteínas SARS-CoV-2, utilizada na ligação à ACE2, é o resultado da seleção natural (ANDERSEN et al., 2020, p.450/451, tradução nossa).

Do ponto de vista dos especialistas em coletiva ao Jornal Le Monde, não haveria sentido erradicar morcegos e pangolins, justamente porque os vírus dessa família percorrem toda a biodiversidade de mamíferos, o que inclui muitos portadores saudáveis. Afirmam os especialistas:

O coronavírus pertence à enorme família *coronaviridae* em circulação natural entre inúmeras espécies animais com efeitos variados – dos inofensivos aos mortais. São vírus sujeitos a mutação e com genoma muito longo, adequado às recombinações. Sabe-se que 4 (quatro) tipos leves de coronavírus afetam o sistema respiratório (e são responsáveis de 15% a 30% dos resfriados comuns) e, mais raramente, aparelho gastrointestinal, cárdio-nervoso. Três outros tipos causam infecções graves: o SARS-CoV, conhecido por ter sido a causa de uma epidemia de pneumonia aguda em humanos em 2002 e 2003; o MERS-CoV que prevaleceu no Oriente Médio em 2012; e o SARS-CoV-2, próximo do que o precedeu (SARS-CoV) e responsável pela atual pandemia em curso (PAINEL, 2020, tradução nossa).

Como os animais selvagens estão amplamente envolvidos no surgimento de epidemias, pode-se ficar tentado a pensar que a biodiversidade representa um perigo potencial, pois abriga patógenos. Na realidade, é exatamente o contrário, segue o painel de especialistas em coletiva ao Jornal: “é a grande diversidade de espécies hospedeiras potenciais que limita a transmissão de vírus por um efeito que chamamos de diluição”. (...) “a diversidade genética específica de cada espécie contribui para o surgimento de resistência do hospedeiro ao seu patógeno e, portanto, também limita sua transmissão” (PAINEL, 2020, tradução nossa).

Por sua vez, o especialista Eric Delaporte, do Instituto de Pesquisa para o Desenvolvimento, e médico do hospital universitário de Montpellier, em entrevista à Rádio França Internacional (DELAPORTE, 2020), ao ser interrogado sobre a origem da Covid-19 explicou que existe um vírus muito próximo – 96% de identidade com o SARS-CoV-2 – que habita morcegos, mas noventa e seis por cento não é o vírus inteiro, diz o especialista, que explica: os chineses reviveram a trilha do pangolim e os estudos mostraram que traços do vírus foram encontrados nesse animal. Daí advém a hipótese de que o coronavírus teria se recombinado no pangolim e que ele seria o hospedeiro intermediário. Segue Delaporte: “mas não vemos pangolins por todos os lados, mesmo na China. Ele é um animal em extinção e não deve ser encontrado espontaneamente nas cidades e de forma muito aglomerada”.

Os especialistas do estudo *The proximal origin of SARS-CoV-2* também ponderaram a responsabilização do pangolim. A evidência colocada por Andersen et al. (2020) está no fato de que para ocorrer seleção natural é preciso haver algumas condições:

Apesar de nenhum coronavírus identificado em animais ser suficientemente semelhante para ter servido como progenitor direto da SARS-CoV-2, a diversidade de coronavírus em morcegos e outras espécies são massivamente sub-amostradas. Mutações, inserções e deleções podem ocorrer próximo à junção S1 – S2 dos coronavírus, que mostram que o local de clivagem polibásica pode surgir por um processo evolutivo natural. Para que um vírus precursor adquira os dois locais, de clivagem polibásica e mutações, na proteína adequada para ligação a humanos ACE2, um hospedeiro animal provavelmente teria que ter uma alta densidade populacional [para permitir seleção natural para proceder com eficiência] e um gene que codifica ACE2 que é semelhante ao ortólogo humano (ANDERSEN et al., 2020, p.451, tradução nossa).

De acordo com o relatório da organização internacional Grain “*Novas pesquisas sugerem que a criação industrial de animais, e não os mercados úmidos, pode ser a origem do Covid-19*” (GRAIN, 2020b), os pesquisadores do *Scripps* – que publicaram *The proximal origin of SARS-CoV-2* – avançaram ao afirmar que a genética particular do SARS-CoV-2 indica que o hospedeiro animal teria, provavelmente, que ter uma alta densidade populacional para permitir que a seleção natural prosseguisse eficientemente (como ocorreu), e de um gene codificador da proteína ACE2 (enzima conversora da angiotensina 2) que fosse semelhante à ortologia humana, por meio do qual o vírus SARS-CoV-2 se liga aos humanos.

A partir do estudo do *Scripps* e do relatório do Grain, observou-se uma mudança de narrativa, certa desconfiança acerca das condições de ocorrência da mutação estritamente em espécies selvagens. A pergunta que se coloca a partir disso é a seguinte: quais animais se encaixam no perfil necessário para seleção natural descrita acima?

Em pesquisa realizada na China e publicada em 19/03/2020, foram identificados alguns animais hospedeiros intermediários mais prováveis para o SARS-CoV-2. A pesquisa tomou por base a presença dos animais mais criados em sistemas de produção em Wuhan e no fato de terem uma proteína ACE2 semelhante à humana. Os animais identificados no estudo chinês foram: civetas, porcos, pangolins, gatos, vacas, búfalos, cabras, ovelhas e pombos (QIU et al., 2020, p. 2).

### Dos animais domesticados confinados: os porcos

Na década de 1990, com a expansão da economia, a China instalou grandes empresas do ramo de carnes (produção e processamento). Áreas privilegiadas foram ocupadas e destinadas pelo governo chinês aos grandes empreendimentos. Os pequenos agricultores foram expropriados de áreas rurais perdendo, também, o vínculo produtivo com os seus sistemas de produção. Uma parte dos pequenos agricultores ocuparam áreas próximas de florestas, geralmente não agricultáveis, e começaram a se dedicar à criação de animais selvagens. Ao longo dos anos, na China, uma rede de criadores de animais selvagens se firmou, interagindo com laboratórios e indústria farmacêutica. Parte dos animais vinha sendo destinada às empresas de produção e teste de medicamentos e a outra parte seguia para os mercados úmidos, onde eram vendidos como artigos de luxo. Dentre os animais da lista do estudo de QIU et al., (2020), alguns são criados industrialmente na China. Com o surto da Covid-19, o governo chinês fechou fazendas de produção de animais selvagens, mas pouca atenção tem sido dada para os outros animais da lista que são produzidos em sistemas industriais de criação que, segundo o relatório do Grain, “satisfazem mais claramente o critério de alta densidade populacional e sistema imunológico semelhante ao dos humanos”, como é o caso dos porcos.

O relatório do Grain afirma que “os porcos seriam candidatos óbvios desta lista por várias razões”. A seguir estão resumidas as razões elencadas no relatório.

1) Porcos e humanos têm sistemas imunológicos semelhantes, facilitando o cruzamento do vírus entre as duas espécies, como ocorreu com o surto do vírus Nipah na Malásia em 1998 (STEPHEN et al., 2012).

2) Em 2016, em Qingyuan província de Guangdong, a menos de 100 km do local de origem da SARS (um tipo de coronavírus) da epidemia de 2003, dezenas de milhares de porcos em quatro fazendas industriais morreram de um surto de SADS, uma estirpe letal de coronavírus, que é 98% idêntica a um coronavírus encontrado em morcegos (ZHENGLI, 2020). O SADS não chegou a infectar humanos, mas o estudo de Yang seus colegas, publicado em 2019, mostrou que poderia ter infectado (YANG et al. 2019).

3) A província de Hubei, onde está localizada Wuhan, é uma das cinco maiores produtoras de porcos da China, onde estão confinados centenas de milhares de animais – em alta densidade e uniformidade genética (WALLACE, 2016) – sendo atacados com frequência por surtos virais, conforme mostra o estudo *Building a factory farmed future, one pandemic at a time* (GRAIN, 2020a), e outros estudos anteriores.

4) Há mais ou menos um ano e meio as fazendas industriais de Hubei passaram por um surto de peste suína africana, que também atingiu outras partes da China, e exterminou mais da metade do plantel do país.

Outras razões podem ser somadas a essas. Espinosa, Gaidel e Treich (2020), lembram que, entre as grandes epidemias que nos atingiram no século XX, várias delas tiveram origem na exploração de animais em fazendas como, por exemplo, a da vaca louca em 1986, de Nipah em 1998, os múltiplos episódios de gripe aviária H5N1, 1997 e 2004; H7N9, em 2016; ou mesmo a gripe de origem suína H1N1, em 2009. É importante lembrar que nos surtos de gripe, tanto a suína quanto a aviária, a explicação científica *oficial* acusou os animais domesticados criados à solta de contaminarem os animais confinados. Ora, o protocolo científico, na época, foi o de eliminação desses animais criados à soltas e, em seguida, na perspectiva de evitar uma possível pandemia - centenas de milhares de aves e suínos confinados foram sacrificados. Parece haver um protocolo da ciência para resolução das questões. Se lembrarmos qual foi o procedimento para o enfrentamento do Cancro Cítrico no final dos anos 1990,



vamos relacionar que é o mesmo utilizado hoje (e ontem) nas epidemias – guardadas as devidas proporções entre os exemplos. Isso é, para enfrentar o Cancro Cítrico foram erradicados todos os pomares, de todos os municípios do interior do estado de São Paulo. Até mesmo aquela única laranjeira ou limoeiro do fundo quintal, sob o argumento de que esses levavam doenças para os monocultivos de pomares do norte do estado. Obviamente, é preciso relativizar o exemplo, mas o paralelo é interessante em relação ao protocolo científico.

Jonathan Foer e Aaron Gross (2020), e Spinney et al. (2020), refletem dizendo que ainda não se sabe muito sobre a pandemia da Covid-19, mas que sobre outros vírus recentes de influenza como o H1N1 (gripe suína) ou o H5N1 (gripe aviária) não há dúvidas. Eles evoluíram em fazendas de frangos e suínos e são nesses lugares que reencontramos com frequência vírus que sofrem mutações de uma forma encontrada apenas em animais para formas que prejudicam seres humanos. Das dezesseis cepas de novos vírus influenza identificados como “de preocupação”, onze são provenientes do tipo H5 ou H7.

Spinney et al. (2020), reproduzindo falas de Rob Wallace, afirmam que “embora possa não parecer, tivemos sorte com o Sars-CoV-2. Ele tem parecido ser bem menos letal que o H7N9 - que mata cerca de um terço daqueles infectados - ou H5N1, que mata ainda mais. Isso nos dá uma oportunidade de questionar nosso estilo de vida, porque o frango não é barato se custar um milhão de vidas”. Os autores descrevem ainda que, em 2018, foram analisadas 38 mudanças antigênicas, chamadas de eventos de conversão, sendo que 36 foram relatados em sistemas comerciais de produção de aves, e concluem que parece cômico estarmos preocupados com a produção de máscaras faciais ao invés de estarmos preocupados com as fazendas que produzem as pandemias.

Serge Morand, pesquisador do Centro Nacional de Pesquisa Científica (CNRS) e do Centro Internacional de Pesquisa Agrônômica para o Desenvolvimento (CIRAD), autor do livro *La Prochaine Peste*, lembra que epidemias existiram no passado, mas que, recentemente, elas vêm aumentando sua frequência. Afirma que desde 1940 o número de epidemias se multiplicou por 10. Depois da Aids e da gripe asiática (H2N2), a Covid-19 é a primeira com essa envergadura mundial e a se tornar uma pandemia. E pode não ser a última. Segundo ele, o contato entre humanos e animais sempre existiu na história da humanidade, o que se vê hoje é que, com a industrialização da agricultura, esse contato aumentou muito devido ao aumento na quantidade de animais em confinamento, “temos gado, galinha, porcos (...) e isso só é possível porque temos comida para esses animais. Ela vem principalmente dos países emergentes”. E conclui: “se a Covid-19 é de origem animal, somos nós, humanos com nosso modo de vida, os responsáveis por sua disseminação” (MORAND, 2020).

Na mesma linha, o CIRAD publicou uma nota denominada *Une crise qui révèle le besoin de transformer les systèmes agrolimentaires*, dia 29/04/2020, na qual menciona sua participação entre os 27 que compõem o Painel Internacional de Experts sobre Sustentabilidade do Sistema Alimentar (IPES-FOOD) e partilha das recomendações contidas no relatório. Informa que, durante o mês de abril, o Painel publicou um relatório denominado *Covid-19 and the crisis in foods systems: symptoms, causes and potential solutions*, que faz quatro recomendações reproduzidas resumidamente a seguir:

- 1) Que os estados nacionais devem agir imediatamente para proteger os mais pobres e vulneráveis;
- 2) Que sejam fortalecidos e criados sistemas agroalimentares agroecológicos;
- 3) Que estados nacionais devem atuar para reequilibrar o poder econômico pelo bem público por meio de um novo pacto entre estados e sociedades;
- 4) Que deve ser iniciada uma reforma na governança dos sistemas agroalimentares internacionais privilegiando circuitos territoriais.

Tais recomendações têm por base a análise de que a crise da Covid-19 revela a vulnerabilidade do modelo dominante do sistema agroalimentar. Um dos pontos destacados é, justamente, o impacto da agricultura industrial que, ao destruir os habitats naturais, tem gerado condições para emergência e propagação de vírus, tendo na criação animal em sistemas intensivos os maiores riscos de pandemias (DREW, 2011; CUTLER et al., 2010).

O biólogo Rob Wallace, membro do grupo de Pesquisa em Agroecologia e Economia Rural de St. Paul, Minnesota, autor do livro *Big Farms Make Big Flu*, de 2016, em entrevista publicada na revista Marx21, em 11/03/2020, diz que o verdadeiro perigo de cada novo surto é o fracasso – ou melhor, a recusa conveniente de entender que cada novo vírus não é um incidente isolado. O aumento das

ocorrências está ligado à produção de alimentos e à lucratividade das empresas multinacionais. Qualquer pessoa que pretenda entender porque os vírus estão se tornando mais perigosos deve investigar o modelo industrial da agricultura e, mais especificamente, a produção pecuária. Atualmente, poucos cientistas estão preparados para fazê-lo. Pelo contrário.

E quais as possibilidades? Os especialistas têm sido unânimes ao afirmarem que somente uma abordagem interdisciplinar, integrada e colaborativa entre diferentes disciplinas (FRANÇOIS, 2020) dará conta do que Jean-Paul Gaudillière (2020) chamou de “patologias da mundialização”. Acrescentamos a essa ideia que, somente a construção de conhecimento pautado em uma ciência cidadã que considere os atores, seus territórios, e que reconheça a natureza também dotada de direitos será capaz de encontrar possibilidades seguras para um mundo pós coronavírus. Se a Covid-19, essa grande pandemia que nos atingiu em uma velocidade extraordinariamente incrível, tem suas origens em nosso próprio modo de vida, regido por um sistema econômico concentrador, pelo uso desregulado dos recursos naturais e dos animais, somente uma saúde global única (One Health), será capaz de nos reconectar com o ambiente e democratizar a vida.

## Referências

- ANDERSEN, K. G. et al. The proximal origin of SARS-CoV-2. **Nature Medicine**, [s.l.], v. 26, n. 4, p. 450-452, 17 mar. 2020. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1038/s41591-020-0820-9>.
- CUTLER S.J.; et al. **Public health threat of new, reemerging, and neglected zoonoses in the industrialized world**. *Emerg Infect Dis*. 2010;16(1):1-7. doi:10.3201/eid1601.081467
- DELAPORTE, E. **Les origines du Covid-19**. Radio França Internacional. Entrevista para Radio França Internacional, 08/04/2020. Disponível em: <https://savoirs.rfi.fr/br/comprendre-enrichir/sante/les-origines-du-covid-19>. Acesso em: 11 maio 2020.
- DREW, T. W, **The emergence and evolution of swine viral diseases**, Rev. sci. tech., n. 30, vol. 1, 95-106, 2011.
- ESPECIALISTAS, Coletivo de. **La pandémie de Covid-19 est étroitement liée à la question de l'environnement**. 2020. Tribuna do Le Monde. França. Disponível em: [https://www.lemonde.fr/idees/article/2020/04/17/la-pandemie-de-covid-19-est-etroitement-liee-a-la-question-de-l-environnement\\_6036929\\_3232.html](https://www.lemonde.fr/idees/article/2020/04/17/la-pandemie-de-covid-19-est-etroitement-liee-a-la-question-de-l-environnement_6036929_3232.html). Acesso em: 10 maio 2020.
- ESPINOSA, R.; et al. Il faut prendre en considération le rôle de la consommation de viande et l'élevage intensif dans ces nouvelles épidémies. **Le Monde**. Paris, 31 mar. 2020. Tribuna, p. 1-8. Disponível em: [https://www.lemonde.fr/idees/article/2020/03/31/coronavirus-il-faut-prendre-en-consideration-le-role-de-la-consommation-de-viande-et-de-l-elevage-intensif-dans-ces-nouvelles-epidemies\\_6035036\\_3232.html](https://www.lemonde.fr/idees/article/2020/03/31/coronavirus-il-faut-prendre-en-consideration-le-role-de-la-consommation-de-viande-et-de-l-elevage-intensif-dans-ces-nouvelles-epidemies_6035036_3232.html). Acesso em: 10 maio 2020.
- FOER, J. S.; GROSS, A. We have to wake up: factory farms are breeding grounds for pandemics. **The Guardian**. Londres, 20 abr. 2020. Opinião, p. 1-5. Disponível em: <https://www.theguardian.com/commentisfree/2020/apr/20/factory-farms-pandemic-risk-covid-animal-human-health>. Acesso em: 10 maio 2020.
- FRANÇA. ANSES. **Covid-19: pas de rôle des animaux domestiques dans la transmission du virus à l'Homme**. Publicada em 20/04/2020. Nota Explicativa (a). Disponível em: <https://www.anses.fr/fr/content/covid-19-pas-de-r%C3%B4le-des-animaux-domestiques-dans-la-transmission-du-virus-%C3%A0-l%E2%80%99homme>. Acesso em: 10 maio 2020.
- FRANÇA. ANSES. **COVID-19: pas de transmission par les animaux d'élevage et les animaux de compagnie**. Publicada em 11/03/2020. Nota Explicativa (b). Disponível em: <https://www.anses.fr/fr/content/covid-19-pas-de-transmission-par-les-animaux-d%E2%80%99C3%A9levage-et-les-animaux-de-compagnie-0>. Acesso em: 10 maio 2020.
- FRANÇOIS, R. Maladies émergentes : un réseau global de recherche intégrée est nécessaire. **Liberation**. Paris, 12 mar. 2020. Tribuna, p. 1-3. Disponível em: [https://www.liberation.fr/debats/2020/03/12/maladies-emergentes-un-reseau-global-de-recherche-integree-est-necessaire\\_1781418](https://www.liberation.fr/debats/2020/03/12/maladies-emergentes-un-reseau-global-de-recherche-integree-est-necessaire_1781418). Acesso em: 11 maio 2020.
- GAUDILLIÈRE, J. Covid-19 et santé globale: la fin du grand partage?: la fin du grand partage? **Aoc**. Paris, 03 abr. 2020. Análise, p. 1-9. Disponível em: <https://aoc.media/analyse/2020/04/02/covid-19-et-sante-globale-la-fin-du-grand-partage/>. Acesso em: 11 maio 2020.
- GRAIN (Internacional). **Building a factory farmed future, one pandemic at a time**, 03/03/2020a. Estudo. Disponível em <https://www.grain.org/en/article/6418-building-a-factory-farmed-future-one-pandemic-at-a-time>. Acesso em 10 de maio de 2020.
- GRAIN (Internacional). **Novas pesquisas sugerem que a criação industrial de animais, e não os mercados úmidos, pode ser a origem do Covid-19**. 30/03/2020b. Estudo. Disponível em:



<https://www.grain.org/pt/article/6439-novas-pesquisas-sugerem-que-a-criacao-industrial-de-animais-e-nao-os-mercados-umidos-pode-ser-a-origem-do-covid-19>. Acesso em: 10 maio 2020.

MORAND, S.; et al. **La prochaine peste**: une histoire globale de maladies infectieuses. Montpellier: Fayard, 2016. 244 p.

MORAND, S. **Les origines du Covid-19**. França. Radio França Internacional. Entrevista para Radio França Internacional, 08/04/2020. Disponível em: <https://savoirs.rfi.fr/br/comprendre-enrichir/sante/les-origines-du-covid-19>. Acesso em: 11 maio 2020.

PAINEL, Especialistas. **La pandémie de Covid-19 est étroitement liée à la question de l'environnement**. 2020. Jornal Le monde dia 17/04/2020. Disponível em: [https://www.lemonde.fr/idees/article/2020/04/17/la-pandemie-de-covid-19-est-etroitement-liee-a-la-question-de-l-environnement\\_6036929\\_3232.html](https://www.lemonde.fr/idees/article/2020/04/17/la-pandemie-de-covid-19-est-etroitement-liee-a-la-question-de-l-environnement_6036929_3232.html). Acesso em: 18 set. 2020.

QIU, J. **How China's 'Bat Woman' Hunted Down Viruses from SARS to the New Coronavirus**. 2020. Scientific American 1 de junho de 2020. Disponível em: <https://www.scientificamerican.com/article/how-chinas-bat-woman-hunted-down-viruses-from-sars-to-the-new-coronavirus1/>. Acesso em: 18 set. 2020.

QIU, Y.; et al. Predicting the angiotensin converting enzyme 2 (ACE2) utilizing capability as the receptor of SARS-CoV-2. **Microbes And Infection**, [s.l.], p. 1-16, mar. 2020. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.micinf.2020.03.003>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1286457920300496>. Acesso em: 10 maio 2020.

RIBEIRO, S. **No le echen la culpa al murciélago**: las causas de la pandemia. Las causas de la pandemia. 2020. Entrevista concedida ao Jornal Página 12. Disponível em: <https://www.pagina12.com.ar/256569-no-le-echen-la-culpa-al-murcielago>. Acesso em: 18 set. 2020.

SICARD, D.; et al. **Il est urgent d'enquêter sur l'origine animale de l'épidémie de Covid-19**. França. Radio França Cultura. Entrevista para Radio França Cultura, 27/03/2020. Disponível em: <https://www.franceculture.fr/sciences/didier-sicard-il-est-urgent-denqueter-sur-lorigine-animale-de-lepidemie-de-covid-19>. Acesso em: 10 maio 2020.

SPINNEY, L.; et al. Is factory farming to blame for coronavirus? **The Guardian**. Londres, 28 mar. 2020. p. 1-6. Disponível em: <https://www.theguardian.com/world/2020/mar/28/is-factory-farming-to-blame-for-coronavirus>. Acesso em: 10 maio 2020.

STEPHEN, L.; et al. **Transmission of human infection with Nipah virus**. 2. ed. Washington: National Academies Press (us), 2012. 396 p. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK100665/>. Acesso em: 10 maio 2020.

WALLACE, R.; et al. **Big farms big flu**: dispatches on infectious disease. New York: Monthly Review Press, 2016. 457 p.

YANG, Y.; et al. Broad Cross-Species Infection of Cultured Cells by Bat HKU2-Related Swine Acute Diarrhea Syndrome Coronavirus and Identification of Its Replication in Murine Dendritic Cells In Vivo Highlight Its Potential for Diverse Interspecies Transmission. **Journal Of Virology**, [s.l.], v. 93, n. 24, p. 1-17, 25 set. 2019. American Society for Microbiology. <http://dx.doi.org/10.1128/jvi.01448-19>. Disponível em: <https://jvi.asm.org/content/jvi/93/24/e01448-19.full.pdf>. Acesso em: 10 maio 2020.

ZHENGLI, S. How China's 'Bat Woman' Hunted Down Viruses from SARS to the New Coronavirus. **Scientific American**, 11 março de 2020. Public Health, p. 5-13. Disponível em: <https://www.scientificamerican.com/article/how-chinas-bat-woman-hunted-down-viruses-from-sars-to-the-new-coronavirus1/>. Acesso em: 10 maio 2020.