

ARTÍCULO DE REVISIÓN

Nuevos reservorios de henipavirus en América: ¿Peligro de zoonosis?

New reservoirs of henipavirus in America: danger of zoonosis?

Yenddy Carrero¹  Mike Contreras²  Chiquinquirá Silva³ 

RESUMEN

Introducción: Las zoonosis constituyen más del 60 % de las enfermedades infecciosas emergentes e implican más de 200 agentes. Se ha descrito que en Latinoamérica y el Caribe ciertos factores como deforestación, urbanización acelerada y degradación ambiental, potencian el contacto con reservorios y por ende el riesgo de transmisión. Desde su identificación, los henipavirus, en particular el virus Hendra (HeV) y el virus Nipah (NiV), han sido reconocidos como agentes zoonóticos caracterizados por poseer reservorios animales naturales capaces de ocasionar enfermedad grave en humanos. A la fecha se han documentado brotes en Asia, Oceanía y África. Sin embargo, investigaciones recientes han comenzado a explorar la posible circulación de éste y otros virus similares en América Latina. **Objetivo y métodos:** Se realizó una breve revisión de la literatura a fin de establecer el riesgo de zoonosis en Latinoamérica de acuerdo con los datos y reservorios documentados. **Resultados:** Se encontró que, si bien el riesgo de brote es bajo, estudios en Brasil y Trinidad y Tobago reportaron muestras reactivas con la glicoproteína de envoltura viral en murciélagos, aportando pruebas de la posible circulación de Henipavirus, aunado al hallazgo del Camp Hill virus en Estados Unidos en 2025 y la identificación por primera vez en Brasil de un virus similar en Marmosa demeraraeque; resaltan el potencial zoonótico emergente. **Conclusión:** El hecho de que el virus se encuentre en otra especie implica que, no solo los mamíferos descritos como murciélagos o roedores son hospedadores, hecho que tiene implicaciones en la vigilancia sanitaria y ecológica. Se infiere una potencial circulación de virus similares a henipa en ecosistemas tropicales de Suramérica, que facilitaría el contacto entre animales silvestres, humanos y animales domésticos. Se necesitan estudios adicionales a fin de determinar la prevalencia del virus en otros marsupiales y especies silvestres, así como estudios serológicos en humanos que evidencien exposición inadvertida.

Palabras clave: zoonosis, Henipavirus, epidemiología, reservorio de enfermedades.



Salus.2025; 29(3): 8-13

ABSTRACT

Introduction: Zoonoses account for more than 60 % of emerging infectious diseases and involve more than 200 agents. It has been reported that in Latin America and the Caribbean, certain factors such as deforestation, rapid urbanization, and environmental degradation increase contact with reservoirs and, therefore, the risk of transmission. Since their identification, henipaviruses, particularly Hendra virus (HeV) and Nipah virus (NiV), have been recognized as zoonotic agents characterized by natural animal reservoirs capable of causing serious disease in humans. To date, outbreaks have been reported in Asia, Oceania, and Africa. However, recent research has begun to explore the possible circulation of this and other similar viruses in Latin America. **Objective and methods:** A brief review of the literature was conducted to establish the risk of zoonosis in Latin America based on documented data and reservoirs. **Results:** It was found that, although the risk of an outbreak is low, studies in Brazil and Trinidad and Tobago reported samples reactive with viral envelope glycoprotein in bats, providing evidence of the possible circulation of Henipavirus, coupled with the discovery of Camp Hill virus in the United States in 2025 and the first identification in Brazil of a similar virus in Marmosa demeraraeque, highlighting the emerging zoonotic potential. **Conclusion:** The fact that the virus is found in other species implies that not only mammals such as bats or rodents are hosts, but a fact also that has implications for health and ecological surveillance. It is inferred a potential circulation of henipa-like viruses in tropical ecosystems in South America, which would facilitate contact between wild animals, humans, and domestic animals. Further studies are needed to determine the prevalence of the virus in other marsupials and wild species, as well as serological studies in humans to detect inadvertent exposure.

Key words: zoonosis, Henipavirus, epidemiology, disease reservoir.

INTRODUCCIÓN

Las enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes constituyen un conjunto de enfermedades recientemente reconocidas o evolucionadas, o previamente identificadas, que muestran cambios importantes en cuanto a su distribución geográfica, hospedadora o vectorial a lo largo del tiempo.

A nivel mundial, se estima que el 60 % de las enfermedades infecciosas emergentes son zoonosis, produciéndose alrededor de mil millones de casos de enfermedad al año y millones de muertes. Durante las últimas tres décadas se han identificado más de 30 nuevos patógenos humanos, de los cuales el 75 % se originaron en animales.¹

¹ Universidad Ecotec. Samborondón, Ecuador.

² Universidad Federal de Goiás. Instituto de Patología Tropical e Saúde Pública. Área de inmunología. Goiânia-Goiás. Brasil.

³ Universidad del Zulia. Facultad de Medicina. Maracaibo. Estado Zulia, Venezuela.

Autor de correspondencia: Yenddy Carrero 

e-mail: yenddycarrero@yahoo.es

Recibido: 07/10/2025

Aprobado: 26/11/2025 /

Dentro de las zoonosis, las infecciones de etiología viral representan una grave amenaza para la salud de los humanos, ya que tienen la capacidad de transmitirse por aerosoles, contacto directo con animales o sus fluidos, a través de alimentos o vectores. Se cree que más de 1,6 millones de especies virales desconocidas de mamíferos y aves acuáticas tienen la capacidad de infectar a los humanos, de las cuales casi un 50 % poseen potencial zoonótico.²⁻⁴

Los henipavirus constituyen virus altamente patógenos, con un amplio rango de hospedadores animales como los murciélagos, cerdos, caballos, caprinos, bovinos, felinos y caninos (Figura 1A), razón por la cual aumenta el potencial de transmisiones zoonóticas a humanos.⁵

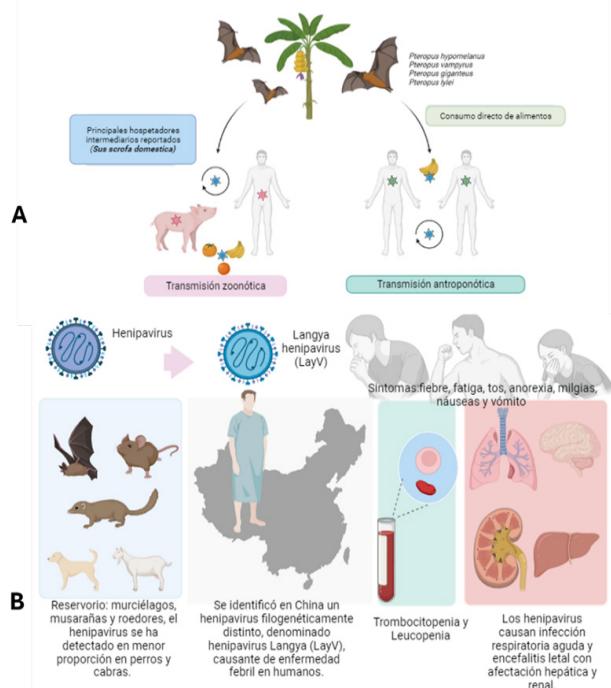


Figura 1 (A) Principales reservorios y transmisión del Henipavirus y **(B)** Características clínico-epidemiológicas de la infección por Henipavirus Langya. (LayV)

En cuanto a sus características (Figura 1B), los henipavirus (HNVs) corresponde a un género de virus perteneciente a la familia *Paramyxoviridae*, orden *Mononegavirales*. Incluye 4 especies: Virus Hendra, Virus Nipah, Virus Cedro y Langya. El virus Hendra (HeV) y el virus Nipah (NiV) pertenecen a la familia *Paramyxoviridae*, subfamilia *Paramyxovirinae*, género Henipavirus. Tienen propiedades morfológicas y fisicoquímicas características de los paramixovirus. Son pleomórficos con envoltura y la nucleocápside en espina. Los viriones miden 40-600 nm de diámetro. La glicoproteína y los picos de la proteína de fusión sobresalen a través de una envoltura lipídica. Tanto el HeV como el NiV tienen un genoma de ARN de polaridad negativa, monocatenario y no segmentado (18,2 KB), con seis genes que codifican seis proteínas estructurales principales: N (proteína de la

nucleocápside), P (fosfoproteína), M (proteína de la matriz), F (proteína de fusión), G (glicoproteína) y L (proteína grande).^{6,7}

En el año 2009 se incluyó el virus de Ghana (GhV), el cual fue aislado del murciélagos frugívoro de color pajizo (*Eidolon helvum*), el cual está filogenéticamente relacionado con los henipavirus zoonóticos Nipah y Hendra. Mientras que en el año 2012 se reportó el virus del cedro (CedPV), aislado de murciélagos australianos que comparte características significativas con los henipavirus conocidos.⁸ El virus Mojjiang (MojV) es un henipavirus que se identificó en una rata de cueva en la provincia china de Yunnan después de causar la muerte a 3 mineros por una neumonía grave de etiología desconocida.⁹

Se han descrito algunas zonas endémicas en el sudeste asiático (NiV) y Australia (HeV). Sin embargo, se han detectado evidencias serológicas y genéticas de estos virus, o virus similares, en África occidental y en América del Sur, lo cual amplía en la región de posible incidencia.¹⁰

En 2022, se dio a conocer la caracterización de un nuevo henipavirus, el virus Angavokely (AngV), aislado de murciélagos frugívoros silvestres en Madagascar, el cual muestra características relacionadas con la patogenicidad en otros henipavirus, sugiriendo que el AngV podría ser un patógeno tras su propagación a huéspedes humanos.¹¹

En los últimos años ha surgido cierta evidencia que amplía el mapa de reservorios potenciales de henipavirus más allá de los murciélagos *Pteropus* clásicos (*Hendra/Nipah*). En América del Sur se detectaron secuencias genómicas y señales serológicas que son compatibles con virus similares a henipa en distintos mamíferos silvestres. Así mismo, un genoma parcial de un virus similar a henipa fue reportado en una zarigüeya (*Marmosa demerarae*) en Brasil (denominado Peixe-Boi virus), y estudios serológicos han encontrado reactividad a抗原s similares a henipa en murciélagos brasileños. Estos hallazgos muestran que virus filogenéticamente relacionados circulan en la fauna americana.¹²

En febrero del 2025, se identificó un nuevo henipavirus denominado Camp Hill virus, en musarañas de cola corta del norte en Alabama (EE. UU.) mediante análisis metagenómico de ARN. Se reportó que el virus forma parte de un clado de henipavirus asociado con musarañas, relacionado con otros virus que también infectan humanos, aunque a la fecha no existe evidencia de casos humanos.¹³ Se ha reportado cierta diversidad genética asociada al virus Nipah, la cual se obtuvo a través de secuenciación genómica de dos linajes genéticos principales de NiV causantes de enfermedad en seres humanos, el NiV Bangladesh (NiV-B) y NiV Malasia (NiV-M).^{14,15}

La infección ocasionada por el virus Nipah (NiV) se relaciona con un posible riesgo de pandemia. Si bien en

la actualidad su distribución es limitada y resulta letal en una franja pequeña, es necesario prestar especial atención en una época de brotes de enfermedades zoonóticas. Algunos investigadores han mostrado interés por el NiV, sin embargo, continúa siendo un virus poco investigado pero que representa un alto potencial de riesgo.¹⁶

Los únicos henipavirus con casos humanos confirmados son Nipah, Hendra y Langya. Los brotes causados por el virus Hendra (HeV) y el virus Nipah (NiV) se han relacionado directamente con murciélagos resultando mortales para los humanos, con tasas de letalidad del 75 % para la infección por HeV y un rango variable entre el 40 % al 80 % para la infección por NiV^{17,18}. Se han descrito características genéticas y moleculares, una amplia gama de hospedadores y una elevada virulencia observada en varias especies de mamíferos, incluido el ser humano, en las que el HeV y el NiV se han identificado a partir de los demás paramixovirus que están bien caracterizados.¹⁹

La ecología y los patrones de distribución que poseen los henipavirus dependen en gran parte de la circulación del huésped reservorio, y el contagio provoca brotes esporádicos^{20,21}. Algunos estudios realizados en murciélagos pteropídos mostraron los henipavirus y virus similares en el sur y sudeste de Asia, China, Australia y África, y recientemente en Europa y Sudamérica²²⁻²⁸. Los virus HeV y NiV afectaron a sus hospedadores naturales de murciélagos con informes esporádicos en la década de 1990 y posteriormente cada año desde 2006, cuando se notificó la infección de caballos en Queensland y Nueva Gales del Sur (Australia) con un total de siete casos humanos, de los cuales cuatro fallecieron.²⁹

En Bangladesh se notificaron seis víctimas humanas, principalmente niños en el mes de enero de 2012³⁰⁻³² casos que continuaron apareciendo, llegando a reportarse hasta el año 2024 un total de 344 casos de Nipah, que provocaron 245 muertes. Se estima que partir de mayo de 2018, ocurrieron alrededor de 700 casos humanos del virus Nipah, con una tasa de letalidad entre el 45 y 75%³³. En 2024 se reportaron dos brotes de VNI en Malappuram (Kerala), en julio y septiembre³⁴. Sin embargo, no hay datos consolidados sobre el total de casos de henipavirus en 2025.

La tasa de letalidad de la infección por el VNI es elevada, con la particularidad de que los signos y síntomas iniciales de la infección son inespecíficos, y frecuentemente no se sospecha el diagnóstico en el momento de la presentación. Así mismo, en la actualidad no se dispone de fármacos concretos o alguna vacuna contra la infección por el VNI. Recientemente en marzo de 2025 el Ministerio de Salud de Bangladesh reportó tres casos de enfermedad por el virus Nipah en el país, con letalidad del 100 %.³⁵

Los HNVs causan diversas infecciones en humanos, desde asintomáticas hasta infecciones respiratorias agudas y encefalitis graves, con una tasa de letalidad de entre el 40 y el 75 % que puede variar en función de las capacidades

locales de investigación epidemiológica y de la gestión clínica³³. El periodo de incubación suele ser de 4 a 20 días, sin embargo, se han reportado períodos de incubación de tan sólo 2 días o incluso de un mes. Se han descrito pacientes asintomáticos durante la infección inicial, pero pueden desarrollar enfermedad neurológica grave hasta 4 años después.³⁵

Los pacientes diagnosticados de LayV presentan fiebre (100 % de los pacientes), fatiga (54 %), tos (50 %), anorexia (50 %), mialgia (46 %), náuseas (38 %), cefalea (35 %) y vómitos (35 %), acompañados de trombocitopenia (35 %), deterioro de la función hepática y renal (35 y 8 %, respectivamente) y leucopenia (54 %). En el estudio se detectó seropositividad en cabras (2 %) y perros (5 %). De las 25 especies de pequeños animales salvajes incluidas, se detectó ARN viral predominantemente en musarañas (27 %), un hallazgo que sugiere que la musaraña puede ser un reservorio natural del LayV, aunque quedan por definir otros aspectos.²⁶

HALLAZGOS EN AMÉRICA

Aunque históricamente, la distribución geográfica de los henipavirus conocida no incluía a Latinoamérica o el Caribe, esto se traducía en pocas posibilidades o sospecha de zoonosis en la región. Sin embargo, investigaciones realizadas en los últimos años han puesto de manifiesto evidencia de circulación de virus parecidos a henipavirus en huéspedes animales y seropositividad en animales salvajes, lo que sugiere que el riesgo podría ser más alto de lo que se creía.

A pesar de que en las Américas se han desarrollado pocos estudios de vigilancia de henipavirus, se ha descrito evidencia genómica en Costa Rica³⁶, y estudios serológicos en murciélagos de Brasil³⁷ y Trinidad y Tobago.³⁸

En el continente convergen múltiples zoonosis emergentes (arenavirus, hantavirus, arbovirus tropicales) las cuales están impulsadas por ciertos factores como la deforestación, expansión humana, cambio climático y una escasa vigilancia. Al momento, no se han detectado henipavirus zoonóticos en la región, sin embargo, existe un aumento de virus parecidos a henipa y su evidente riesgo asociado, los cuales requieren una vigilancia proactiva.

En Brasil estudios han reportado reacciones serológicas que son compatibles con henipavirus en murciélagos filostómidos, aunque no existe confirmación completa de nuevas especies animales infectadas con el virus que se encuentren totalmente caracterizadas. En el año 2023 se reportó un virus parecido a henipa en una especie de zarigüeya (*Marmosa demerarae*), lo que sugiere que los reservorios pueden ser más diversos de los que se tenían registrados.³⁹

Un hallazgo importante constituye el descubrimiento de un nuevo henipavirus en las musarañas *B. brevicauda*

señalando el potencial de esta especie de musaraña como reservorio zoonótico que puede albergar múltiples virus y traduciéndose en un riesgo para los humanos. Es conocido que la musaraña *B. brevicauda* es un huésped del virus Camp Ripley (género *Orthohantavirus*)^{40,41}. El virus Camp Ripley resultó abundante en los tejidos de las musarañas analizadas, por lo tanto, se reportaron coinfecciones mixtas de hantavirus y henipavirus en las musarañas. Este hallazgo deja la interrogante de la posible distribución global de agentes infecciosos que se creían estaban confinados solo a ciertas áreas geográficas.⁴²

POSIBLES RESERVORIOS EN AMÉRICA LATINA

Aunque los informes de brotes globales siguen siendo motivo de alarma en cualquier parte del mundo, se ha estudiado la posibilidad de detectar posibles reservorios en América Latina. El estudio de De Araujo *et al.*³⁷ tuvo como objetivo detectar anticuerpos con reactividad cruzada en muestras de suero de varias especies de murciélagos en Brasil. De 11 murciélagos, 5 fueron positivos para NiV, y 9 de 76 muestras de suero analizadas fueron positivas (~12 %). Aunque la presencia de murciélagos pteropódicos que constituyen importante reservorio, pueden encontrarse en los trópicos y subtrópicos, se han aislado Henipavirus de estos murciélagos en América Central y del Sur, Asia, Oceanía y África Oriental^{43,44} (Figura 2).

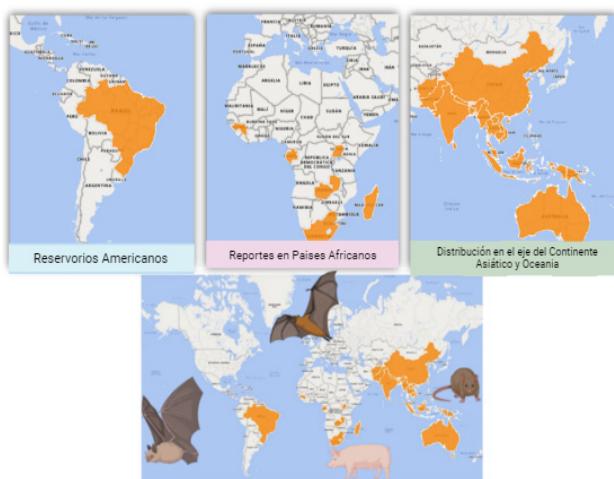


Figura 2 Distribución geográfica de los reservorios y casos de Henipavirus.

En el estudio de 4 localidades de Trinidad y Tobago próximas a la costa venezolana, se analizaron muestras de murciélagos mediante inmunoensayo multiplex para detectar la presencia de anticuerpos reactivos con la glicoproteína de envoltura de virus del género Henipavirus y de la familia Filoviridae. Así mismo, se analizaron muestras de suero mediante ensayo inmunoenzimático en busca de anticuerpos reactivos con las glicoproteínas G y F de Nipah.

De 84 muestras de suero, 28 eran reactivas con la glicoproteína de envoltura de ≥1 Henipavirus. Estos

resultados aportan pruebas de la posible circulación de Henipavirus en las Américas.³⁸

Los murciélagos del género *Pteropus* son reservorios naturales de henipavirus, si bien esta familia de murciélagos no está ampliamente distribuida en América, se han detectado henipavirus en otras especies animales, como roedores, musarañas y marsupiales sugiriendo una amplia distribución. Algunos de estos virus saltan de animales salvajes a especies domésticas, facilitando la transmisión al ser humano, como ocurrió en brotes anteriores en Asia y Australia.

Hasta el momento no se han reportado casos humanos confirmados de infección por henipavirus o virus parecido a henipa en Latinoamérica, sin embargo, las evidencias serológicas y genéticas respaldan una exposición silvestre en mamíferos sin diagnóstico humano a la fecha.¹²

En el año 2022, se notificó la presencia de un nuevo virus Henipa similar al de la zarigüeya (*Marmosa demerarae*) en el municipio de Peixe-Boi (Brasil), al que se denominó virus Peixe-Boi (PBV). La secuenciación de próxima generación y el enfoque metagenómico reveló la existencia de un genoma vírico similar al de Henipa en Brasil y Sudamérica y la descripción similar de un virus de Henipa en especies de marsupiales, de allí la importancia del estudio de reservorios y posibles focos en Latinoamérica.¹²

Es importante mencionar que esta especie se encuentra restringida a América del Sur encontrándose en la Guayana Francesa, Guyana, Venezuela, Perú y Brasil, caracterizándose por ser arbóreas y nocturnas con una dieta insectívora y frugívora^{45,46} lo cual permitiría compartir hábitat y alimento con algunas especies de murciélagos, incluidas las especies mencionadas en los estudios de Trinidad y Tobago y Brasil.

Ante estos hallazgos es importante enfocarse en aspectos fundamentales como la vigilancia integrada, fortalecimiento institucional y mayores enfoques en salud necesarios para anticipar y contener brotes zoonóticos en el futuro. De igual forma la vigilancia epidemiológica activa es vital para detectar eventos de salto de especie antes de que aparezcan brotes o epidemias. Motivado a la alta tasa de letalidad del virus Nipah y su capacidad de transmitirse entre humanos, destaca la necesidad urgente de monitoreo constante ecológico, serológico y genómico en animales considerados reservorios.

Los modelos epidemiológicos contribuirían a optimizar las capacidades predictivas de brotes futuros, y de esta manera los entes de salud pública pueden organizar y destinar recursos de manera efectiva en la prevención.⁴⁷

Es importante fomentar la investigación, el riesgo de zoonosis por henipavirus en América es real y creciente. Para ello se requiere la detección de virus relacionados

en fauna local, junto con los factores ecológicos que favorecen el contacto humano-animal⁴². Así mismo, incentivar las colaboraciones entre gobiernos, instituciones de investigación y organizaciones internacionales es vital para garantizar una respuesta coordinada a futuros brotes por henipavirus.⁴⁸

CONCLUSIÓN

La evidencia, determinó la presencia de algunos reservorios en América, además demostró que virus parecidos a henipa se encuentran en América del Sur y el Caribe en animales silvestres que incluyen a los marsupiales y murciélagos. A la fecha no existen reportes confirmados de enfermedad en humanos causada por estos virus en la región, sin embargo, la seropositividad y los hallazgos genómicos indican que existe un riesgo zoonótico.

Es necesario fomentar estudios multidisciplinarios que incluyan vigilancia viral, epidemiológica y ecológica para evaluar el potencial de zoonosis real, y prepararse ante eventuales emergencias que permitan la identificación rápida de casos, el rastreo de contactos, las medidas de aislamiento, así como evidenciar el potencial de transmisión entre humanos, hecho que continúa planteando desafíos significativos para el control y la prevención de brotes. Otro aspecto importante es la necesidad de actualizar los datos epidemiológicos disponibles a fin de tener una mayor comprensión del número de casos, letalidad y distribución mundial.

Financiamiento: La investigación fue financiada por los autores, sin apoyo de fuentes externas.

Conflicto de interés: Los autores declaran no presentar conflicto de interés en la realización de la investigación.

REFERENCIAS

1. Organización Mundial de la Salud. (OMS). Enfermedades zoonóticas: amenazas emergentes para la salud pública en la Región. Organización Mundial de la Salud, Oficina Regional para el Mediterráneo Oriental. 2022. Disponible: <http://www.emro.who.int/fr/about-who/rc61/zoonotic-diseases.html>
2. Milbank C, Vira B. Wildmeat consumption and zoonotic spillover: contextualising disease emergence and policy responses. *Lancet Planet Health.* 2022; 6:e439–48. doi: 10.1016/S2542-5196(22)00064-X
3. Carroll D, Daszak P, Wolfe ND, Gao GF, Morel CM, Morzaria S, et al. The global Virome project. *Science.* 2018;359:872-4. doi: 10.1126/science.aap7463,
4. Saba-Villaruel PM, Gumpangseth N, Songhong T, Yainoy S, Monteil A, Leaungwutiwong P, Missé D, Wichit S. Emerging and re-emerging zoonotic viral diseases in Southeast Asia: One Health challenge. *Front Public Health.* 2023;11:1141483. doi: 10.3389/fpubh.2023.1141483. PMID: 37383270; PMCID: PMC10298164.
5. Quarleri J, Galvan V, Delpino MV. Henipaviruses: an expanding global public health concern? *Geroscience.* 2022;44(5):2447-2459. doi: 10.1007/s11357-022-00670-9. Epub 2022 Oct 11. PMID: 36219280; PMCID: PMC9550596.
6. Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC). Virus Nipah (NIV) [en línea]. 2018. URLA disponible en: <https://www.cdc.gov/vhf/nipah/index.html2>. OMS.
7. Tiong V, Shu MH, Wong WF, AbuBakar S, Chang LY. Nipah Virus Infection of Immature dendritic cells increases its transendothelial migration across human brain microvascular endothelial cells. *Front Microbiol.* 2018;9:2747. PMCID: PMC6244409 DOI: 10.3389/fmicb.2018.02747.
8. Voigt K, Hoffmann M, Drexler JF, Müller MA, Drosten C, Herrler G, Krüger N. Fusogenicity of the Ghana Virus (Henipavirus: Ghanaian bat henipavirus) Fusion protein is controlled by the cytoplasmic domain of the attachment glycoprotein. *Viruses.* 2019;11(9):800. doi: 10.3390/v11090800. PMID: 31470664; PMCID: PMC6784138.
9. Wu Z, Yang L, Yang F, Ren X, Jiang J, Dong J, et al. Nuevo virus similar a la henipa, Mojiang paramyxovirus, en ratas, China, 2012. *Emerg Infect Dis.* 2014;20:1064-6. 10.3201/eid2006.131022
10. Thibault PA, Watkinson RE, Moreira-Soto A, Drexler JF, Lee B. Zoonotic Potential of Emerging Paramyxoviruses: Knowns and Unknowns. *Adv Virus Res.* 2017;98:1-55. doi: 10.1016/bs.avir.2016.12.001. Epub 2017 Feb 2. PMID: 28433050; PMCID: PMC5894875.
11. Madera S, Kistler A, Ranaivoson HC, Ahyong V, Andrianaaina A, Andry S, Raharinosa V, Randriambolamanantsoa TH, Ravelomanantsoa NAF, Tato CM, DeRisi JL, Aguilar HC, Lacoste V, Dussart P, Heraud JM, Brook CE. Discovery and Genomic Characterization of a Novel Henipavirus, Angavokely Virus, from Fruit Bats in Madagascar. *J Virol.* 2022;96(18):e0092122. doi: 10.1128/jvi.00921-22. Epub 2022 Aug 30. PMID: 36040175; PMCID: PMC9517717
12. Hernández LHA, da Paz TYB, Silva SPD, Silva FSD, Barros BCV, Nunes BTD, Casseb LMN, Medeiros DBA, Vasconcelos PFDC, Cruz ACR. First genomic evidence of a henipa-like virus in Brazil. *Viruses.* 2022;14(10):2167. doi: 10.3390/v14102167. PMID: 36298723; PMCID: PMC9608811.
13. Haring VC, Diederich S, Beer M, Pfaff F. Henipavirus en la musaraña de cola corta del norte, Alabama, EE. UU. *Emerg Infect Dis.* 2025;31(8):1683. <https://doi.org/10.3201/eid3108.250401>
14. Harcourt BH, Lowe L, Tamin A, Liu X, Bankamp B, Bowden N, Rollin PE, et al. Caracterización genética del virus Nipah, Bangladesh, 2004. *Emerg Infect Dis.* 2005;11:1594-1597. <https://doi.org/10.3201/eid1110.050513>
15. Madhukalya, R., Yadav, U., Paray, H.A. et al. Nipah virus: pathogenesis, genome, diagnosis, and treatment. *Appl Microbiol Biotechnol.* 2025;109, 158. <https://doi.org/10.1007/s00253-025-13474-6>
16. May AJ, Lella M, Lindenberger J, Berkman A, Kumar U, Dutta M, Barr M, Parks R, et al. Structural and antigenic characterization of novel and diverse Henipavirus glycoproteins. *bioRxiv [Preprint].* 2025:2024.12.11.627382. doi: 10.1101/2024.12.11.627382. PMID: 39713338; PMCID: PMC11661166
17. Kane Y, Nalikka B, Tendu A, Omondi V, Bienes KM, Padane A, Duong V, et al. Genetic diversity and geographic spread of henipaviruses. *Emerg Infect Dis.* 2025;31(3):427-437. doi: 10.3201/eid3103.241134. PMID: 40023785; PMCID: PMC11878329.
18. Gazal S, Sharma N, Gazal S, Tikoo M, Shikha D, Badroo GA, et al. Nipah and Hendra viruses: deadly zoonotic paramyxoviruses with the potential to cause the next pandemic. *Pathogens.* 2022;11:1419. 10.3390/pathogens11121419

19. Eaton BT, Broder CC, Middleton D, Wang LF: Los virus Hendra y Nipah: diferentes y peligrosos. *Nat Rev Microbiol* 2006; 4:23-35
20. Islam A, Cannon DL, Rahman MZ, Khan SU, Epstein JH, Daszak P, et al. Nipah virus exposure in domestic and peridomestic animals living in human outbreak sites, Bangladesh, 2013–2015. *Emerg Infect Dis.* 2023;29:393–6. 10.3201/eid2902.221379
21. Becker DJ, Crowley DE, Washburne AD, Plowright RK. Temporal and spatial limitations in global surveillance for bat filoviruses and henipaviruses. *Biol Lett.* 2019;15:20190423. 10.1098/rsbl.2019.0423
22. Li Y, Wang J, Hickey AC, Zhang Y, Li Y, Wu Y, et al. Antibodies to Nipah or Nipah-like viruses in bats, China. *Emerg Infect Dis.* 2008;14:1974–6. 10.3201/eid1412.080359
23. Hayman DTS, Suu-Ire R, Breed AC, McEachern JA, Wang L, Wood JLN, et al. Evidence of henipavirus infection in West African fruit bats. *PLoS One.* 2008;3:e2739. 10.1371/journal.pone.0002739
24. Madera S, Kistler A, Ranaivoson HC, Ahyong V, Andrianaina A, Andry S, et al. Discovery and genomic characterization of a novel henipavirus, Angavokely virus, from fruit bats in Madagascar. *J Virol.* 2022;96:e0092122. 10.1128/jvi.00921-22
25. Horemans M, Van Bets J, Joly Maes T, Maes P, Vanmechelen B. Discovery and genome characterization of six new orthoparamyxoviruses in small Belgian mammals. *Virus Evol.* 2023;9:vead065. 10.1093/ve/vead065
26. Zhang XA, Li H, Jiang FC, Zhu F, Zhang YF, Chen JJ, et al. A zoonotic henipavirus in febrile patients in China. *N Engl J Med.* 2022;387:470–2. 10.1056/NEJMc2202705
27. Lee SH, Kim K, Kim J, No JS, Park K, Budhathoki S, et al. Discovery and genetic characterization of novel paramyxoviruses related to the genus Henipavirus in Crocidura species in the Republic of Korea. *Viruses.* 2021;13:2020. 10.3390/v13102020
28. Chakraborty S, Chandran D, Mohapatra RK, Islam MA, Alagawany M, Bhattacharya M, et al. Langya virus, a newly identified Henipavirus in China - Zoonotic pathogen causing febrile illness in humans, and its health concerns: Current knowledge and counteracting strategies - Correspondence. *Int J Surg.* 2022;105:106882. 10.1016/j.ijsu.2022.106882
29. Playford EG, McCall B, Smith G, Slinko V, Allen G, Smith I, Moore F, Taylor C, Kung YH, Field H: Human Hendra virus encephalitis associated with equine outbreak, Australia, 2008. *Emerg Infect Dis* 2010;16:219-223.
30. Anonymous: Nipah encephalitis, human — Bangladesh: (Jippurhat). In Promed. Edited by International Society forInfectious Diseases. 2012. file No. 20120106.1001359. . Disponible www.promedmail.org,
31. Luby SP, Hossain MJ, Gurley ES, Ahmed BN, Banu S, Khan SU, Homaira N, Rota PA, Rollin PE, Comer JA, Kenah E, Ksiazek TG, Rahman M. Recurrent zoonotic transmission of Nipah virus into humans, Bangladesh, 2001–2007. *Emerg Infect Dis.* 2009;15(8):1229–35. doi: 10.3201/eid1508.081237.
32. Broder CC. De los brotes de henipavirus a los antivirales: estado actual de la terapéutica potencial. *Curr Opin Virol.* 2012;2(2):176-187. doi: 10.1016/j.coviro.2012.02.016].
33. CDC. Virus Nipah (NiV) [en línea]. Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. 2018. URLA disponible en: <https://www.cdc.gov/vhf/nipah/index.html2>. OMS
34. Sahay RR, Patil DY, Chenayil S, Shete AM, Ps KS, Mohandas S, Balasubramanian R, Gaikwad S, et al. Encephalitis predominant Nipah virus outbreaks in Kerala, India during 2024. *J Infect Public Health.* 2025;18(7):102782. doi: 10.1016/j.jiph.2025.102782. Epub 2025 Apr 16. PMID: 40253778.
35. Singh RK, Dhama K, Chakraborty S, Tiwari R, Natesan S, Khandia R, Munjal A, et al. Nipah virus: epidemiology, pathology, immunobiology and advances in diagnosis, vaccine designing and control strategies - a comprehensive review. *Vet Q.* 2019;39(1):26-55. doi: 10.1080/01652176.2019.1580827. PMID: 31006350; PMCID: PMC6830995.
36. Drexler JF, Corman VM, Müller MA, Maganga GD, Vallo P, Binger T, Gloza-Rausch F, et al. Bats host major mammalian paramyxoviruses. *Nat. Commun.* 2012;3: 796.
37. De Araujo J, Lo MK, Tamin A, Ometto TL, Thomazelli LM, Nardi MS, Hurtado RF, et al. Antibodies against Henipa-like viruses in brazilian bats. *Vector-Borne Zoonotic Dis.* 2017;17:271–274
38. Schulz JE, Seifert SN, Thompson JT, Avanzato V, Sterling SL, Yan L, Letko MC, Matson MJ, Fischer RJ, Tremeau-Bravard A, Seetahal JFR, Ramkissoon V, Foster J, Goldstein T, Anthony SJ, Epstein JH, Laing ED, Broder CC, Carrington CVF, Schountz T, Munster VJ. Serological Evidence for Henipa-like and Filo-like Viruses in Trinidad Bats. *J Infect Dis.* 2020;221(Suppl 4):S375-S382. doi: 10.1093/infdis/jiz648.
39. Weber MN, da Silva MS. Corona- and Paramyxoviruses in bats from Brazil: A matter of concern? *Animals (Basel).* 2023;14(1):88. doi: 10.3390/ani14010088. PMID: 38200819; PMCID: PMC10778288.
40. Arai S, Song JW, Sumibcay L, Bennett SN, Nerurkar VR, Parmenter C, et al. Hantavirus in northern short-tailed shrew, United States. *Emerg Infect Dis.* 2007;13:1420–3.
41. Liphardt SW, Kang HJ, Arai S, Gu SH, Cook JA, Yanagihara R. Reassortment between divergent strains of Camp Ripley virus (Hantaviridae) in the northern short-tailed shrew (Blarina brevicauda). *Front Cell Infect Microbiol.* 2020;10:460.
42. Parry RH, Yamada K, Hood WR, et al. Henipavirus in northern short-tailed shrew, Alabama, USA. *Emerging Infectious Diseases.* 2025;31(2):392-394. doi:10.3201/eid3102.241155.
43. Weatherman S, Feldmann H, de Wit E. Transmission of henipaviruses. *Curr Opin Virol.* 2018;28:7–11.
44. Trevor Shoemaker, Mary Joung Choi. Henipavirus, Chapter 4. Travel-Related Infectious Diseases. CDC. 2019. Disponible: <https://wwwnc.cdc.gov/travel/yellowbook/2020/travel-related-infectious-diseases/henipaviruses>.
45. Dias IMG, Almeida FC, Amato G, DeSalle R, Fonseca CG. Delimitación geográfica de las zarigüeyas ratón lanudas, *Micoureus demerarae* y *Micoureus paraguayanus* (Didelphimorphia: Didelphidae). *Conserv. Genet.* 2010;11:1579–1585
46. Santori, RT; Lessa, LG; Astúa, D. Alimentação, nutrição e adaptações alimentares de marsupiais brasileiros. En Os Marsupiais do Brasil: Biología, Ecología e Conservação, 2^a ed.; Cáceres, Carolina del Norte, Ed.; Editora UFMS: Campo Grande, Brasil, 2012; pag. 391
47. Sazzad HM, Hossain MJ, Gurley ES, Ameen KM, Parveen S, Islam MS, Faruque LI, Podder G, Banu SS, Mira MK, et al. Brote de infección por el virus Nipah con transmisión nosocomial y de cadáver a humano, Bangladesh. *Emergente. Infectar. Dis.* 2013;19:210
48. Branda F, Ceccarelli G, Giovanni M, Albanese M, Binetti E, Ciccozzi M, Scarpa F. Virus Nipah: una amenaza zoonótica que resurge a raíz de los desafíos de salud pública mundial. *Microorganismos* 2025;3:124. <https://doi.org/10.3390/microorganisms13010124>