

20
26

RELATÓRIO TÉCNICO

*Integração da Vigilância Epidemiológica
e Genômica da Influenza Aviária de Alta
Patogenicidade no Brasil*



Ministério da Agricultura e Pecuária – MAPA

Ministério da Agricultura e Pecuária

Secretaria de Defesa Agropecuária

RELATÓRIO TÉCNICO

Integração da Vigilância Epidemiológica e Genômica da Influenza Aviária
de Alta Patogenicidade no Brasil

MISSÃO DO MAPA:

*“Promover o desenvolvimento sustentável
das cadeias produtivas agropecuárias,
em benefício da sociedade brasileira”*

Brasília

MAPA

2026

© 2026 Ministério da Agricultura e Pecuária.

Todos os direitos reservados. Permitida a reprodução parcial ou total desde que citada a fonte e que não seja para venda ou qualquer fim comercial. A responsabilidade pelos direitos autorais de textos e imagens desta obra é do autor.

1ª edição. Ano 2026

Distribuição, informações:

Ministério da Agricultura e Pecuária

Secretaria de Defesa Agropecuária

Departamento de Saúde Animal

Coordenação de Sanidade Avícola

Endereço: Esplanada dos Ministérios, Bloco D, Anexo A, 3º andar, Sala 322

CEP: 70.043-900 - Brasília/DF

e-mail: pnsa@agro.gov.br

Ilustração e fotos por CANVA

Elaboração:

Denise Russi Rodrigues

Análises genômicas:

Anselmo V. Rivetti Jr.

Revisão técnica:

Ana Laura Grazziotin

Daniela de Queiroz Baptista

Dilmara Reischak

Daniela Pacheco de Lacerda

Editoração e formatação:

Emanuel Monteiro de Barros

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação - CIP
Biblioteca Nacional de Agricultura – BINAGRI

Brasil. Ministério da Agricultura e Pecuária.

Relatório técnico : Integração da vigilância epidemiológica e genômica da influenza aviária de alta patogenicidade no Brasil. / Ministério da Agricultura e Pecuária. Secretaria de Defesa Agropecuária. Departamento de Saúde Animal. Coordenação de Sanidade Avícola. – Brasília : MAPA, 2026. 64 p. il. color.

ISBN: 978-85-7991-289-4

1. Influenza aviária. 2. Vigilância epidemiológica. 3. Vigilância genômica. 4. Saúde animal. 5. Defesa agropecuária. I. Brasil. Ministério da Agricultura e Pecuária. II. Secretaria de Defesa Agropecuária. III. Departamento de Saúde Animal IV. Título.

AGRIS L73
CDU 619:578.834

Bibliotecária: Layla Alexandrina Barboza dos Santos (CRB1/ 3447)

SUMÁRIO

GLOSSÁRIO.....	7
LISTA DE SIGLAS	9
INTRODUÇÃO.....	10
CAPÍTULO 1	11
Sistema de vigilância para influenza aviária	11
1.1 Introdução	11
1.2 Programa nacional de sanidade avícola	12
1.3 Organização do sistema nacional de vigilância.....	13
1.4 Plano nacional de vigilância para influenza aviária.....	13
1.4.1 Vigilância Passiva	14
1.4.2 Vigilância Ativa	15
1.5 Rede laboratorial oficial.....	15
1.6 Integração da vigilância	16
CAPÍTULO 2.....	18
Vigilância genômica da influenza aviária no Brasil: implementação e aplicações	18
2.1 Introdução	18
2.2 Justificativa para implementação da vigilância genômica.....	18
2.3 Objetivos da vigilância genômica.....	20
2.4 Fluxo operacional da vigilância genômica	20
CAPÍTULO 3.....	22
Vigilância epidemiológica da influenza aviária no Brasil: resultados	22
3.1 Introdução	22
3.2 Introdução do vírus no território nacional.....	22
3.3 Evolução cronológica dos focos	23
3.4 Situação epidemiológica no período analisado	23
3.5 Evolução temporal	25
3.6 Distribuição geográfica	26
3.7 Distribuição por espécies	30
CAPÍTULO 4.....	36
Vigilância genômica da influenza aviária no Brasil: resultados	36

4.1 Introdução	36
4.2 Sequenciamento dos vírus detectados	36
4.3 Caracterização genética	37
4.4 Origem provável dos vírus	38
4.5 Genótipos identificados.....	43
4.6 Mutações genéticas e marcadores de adaptação	44
CAPÍTULO 5.....	48
Integração entre dados epidemiológicos e genômicos	48
5.1 Introdução	48
5.2 Estrutura da integração dos dados	48
5.3 Origem e eventos de introdução	50
5.4 Dispersão do vírus e interfaces ecológicas.....	50
5.5 Relação entre diversidade genômica e comportamento epidemiológico	52
5.6 Redução das incertezas.....	53
CAPÍTULO 6.....	54
Aplicações e perspectivas da integração entre vigilância epidemiológica e genômica para o fortalecimento do serviço veterinário oficial	54
6.1 Introdução	54
6.2 Integração de evidências e aprimoramento da vigilância.....	54
6.3 Perspectivas	56
CAPÍTULO 7.....	58
Considerações finais	58
Referências	60
ANEXOS	62

GLOSSÁRIO

Amplificação ecológica	Processo pelo qual, após a introdução de um agente infeccioso em determinada região ou população, sua circulação se amplia entre diferentes espécies ou comunidades que compartilham ambientes e recursos, aumentando as oportunidades de transmissão e exposição.
Análise filogenética	Análise das relações evolutivas entre sequências genéticas, utilizada para avaliar o grau de proximidade entre vírus e identificar agrupamentos geneticamente relacionados.
Árvore filogenética	Representação gráfica das relações evolutivas entre sequências genéticas, permitindo visualizar agrupamentos e ancestralidade comum entre os vírus analisados.
Bootstrap	Medida estatística utilizada para avaliar o suporte dos agrupamentos observados em uma árvore filogenética. Valores mais elevados indicam maior suporte para determinado agrupamento.
Clado	Grupo de vírus geneticamente relacionados que compartilham um ancestral comum. No relatório, os vírus H5N1 detectados pertencem ao clado 2.3.4.4b.
Distância genética	Medida das diferenças existentes entre sequências genéticas, utilizada para avaliar o grau de similaridade ou divergência entre vírus.
Genoma completo	Conjunto integral do material genético de um organismo ou vírus. No vírus influenza A, corresponde aos oito segmentos de RNA viral.
Genótipo	Classificação baseada na combinação dos segmentos genômicos que compõem determinado vírus influenza. Vírus pertencentes ao mesmo clado podem apresentar diferentes genótipos.
Hospedeiro-ponte	Espécie capaz de estabelecer conexão epidemiológica entre populações ou ambientes que normalmente apresentam contato limitado, favorecendo oportunidades de transmissão do agente.

Interface ecológica	Situação ou ambiente em que diferentes espécies ou populações compartilham espaço, recursos ou outras condições que possibilitam exposição direta ou indireta ao agente infeccioso.
Inteligência epidemiológica	Processo de integração, análise e interpretação de diferentes fontes de dados para produzir informações capazes de apoiar a avaliação de risco e a tomada de decisão pelo SVO.
Linhagem viral	Grupo de vírus geneticamente relacionados que compartilham uma história evolutiva comum.
Marcador molecular	Alteração ou característica genética identificável que pode estar associada a determinada característica biológica, como adaptação a hospedeiros, patogenicidade ou sensibilidade a antivirais.
Mutação	Alteração na sequência genética do vírus que pode ou não resultar em mudança de suas características biológicas.
NGS (Next-Generation Sequencing)	Sequenciamento de nova geração; conjunto de tecnologias que permite determinar simultaneamente grande quantidade de sequências genéticas e obter, entre outras aplicações, o genoma completo do vírus.
Rearranjo genético (reassortment)	Processo característico de vírus com genoma segmentado, como influenza A, no qual segmentos genômicos de vírus distintos podem ser combinados quando infectam simultaneamente o mesmo hospedeiro, originando uma nova constelação genômica.
Sequenciamento genômico	Processo de determinação da sequência do material genético viral, permitindo caracterizar os segmentos genômicos e realizar análises comparativas, filogenéticas e de mutações.
Similaridade genética	Grau de semelhança entre as sequências genéticas de dois ou mais vírus. Elevada similaridade pode apoiar hipóteses epidemiológicas, mas não demonstra isoladamente transmissão direta.
Spillover	Evento de transmissão de um agente infeccioso de uma espécie ou população hospedeira para outra espécie.

LISTA DE SIGLAS

Sigla	Significado
AGID	Imunodifusão em Gel de Ágar
CVP	Comissão Veterinária Permanente do Cone Sul
DSA	Departamento de Saúde Animal
FAO	Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura
IA	Influenza aviária
IAAP	Influenza aviária de alta patogenicidade
LFDA	Laboratório Federal de Defesa Agropecuária
MAPA	Ministério da Agricultura e Pecuária
MMA	Ministério do Meio Ambiente e Mudança do Clima
OMSA (WOAH)	Organização Mundial de Saúde Animal
OFFLU	Rede Conjunta FAO/OMSA de Especialistas em Influenza Animal
PANAFTOSA	Centro Pan-Americano de Febre Aftosa e Saúde Pública Veterinária
PNSA	Programa Nacional de Sanidade Avícola
RT-PCR	Reação em Cadeia da Polimerase com Transcrição Reversa em Tempo Real
SDA	Secretaria de Defesa Agropecuária
SVO	Serviço Veterinário Oficial
SVE	Serviço Veterinário Estadual

INTRODUÇÃO

A influenza aviária de alta patogenicidade (IAAP) representa uma das principais ameaças sanitárias para a avicultura mundial, exigindo sistemas de vigilância capazes de detectar precocemente a circulação viral, compreender sua dinâmica epidemiológica e subsidiar respostas rápidas e baseadas em evidências.

Desde 2020, diante da intensificação da circulação global dos vírus da IAAP, impulsionada pela disseminação do vírus H5 do clado 2.3.4.4b, e do consequente aumento da pressão de infecção nas populações de aves silvestres, o Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA) tem fortalecido, no Brasil, a vigilância epidemiológica, a capacidade diagnóstica laboratorial, a investigação de suspeitas e focos e a preparação para emergências zoossanitárias.

Paralelamente, a incorporação da genômica à vigilância do vírus de influenza aviária permitiu ampliar a compreensão sobre a origem, evolução e diversidade genética dos vírus circulantes. Mais do que caracterizar geneticamente os vírus, a experiência brasileira demonstrou o potencial da integração entre epidemiologia e genômica para subsidiar avaliações de risco, orientar estratégias de vigilância baseada em risco, fortalecer a preparação para emergências sanitárias e passou a constituir uma importante ferramenta para apoiar a tomada de decisão do Serviço Veterinário Oficial (SVO).

Este relatório consolida a experiência brasileira e os principais achados da vigilância oficial decorrentes da integração entre dados epidemiológicos e genômicos, no período de maio de 2023 a julho de 2026. Apresenta os resultados dessa abordagem, suas aplicações e potencialidades para a compreensão da dinâmica da IAAP e para o fortalecimento da atuação do SVO, além de discutir perspectivas para o aprimoramento da vigilância, em consonância com os princípios de Uma Só Saúde.

Ademais, os dados aqui apresentados evidenciam o compromisso do MAPA com a inovação, a excelência técnica e o fortalecimento contínuo do SVO. Espera-se que as informações consolidadas contribuam não apenas para o aprimoramento das ações nacionais, mas também para o intercâmbio interinstitucional de conhecimentos e para a consolidação da cooperação internacional no enfrentamento da influenza aviária e de outras doenças transfronteiriças dos animais.

CAPÍTULO 1

Sistema de vigilância para influenza aviária

1.1 Introdução

O Brasil possui um dos maiores sistemas de produção avícola do mundo, ocupando posição de destaque na produção e exportação de carne de frango e produtos avícolas. A manutenção da condição sanitária da avicultura nacional depende de um sistema de vigilância capaz de detectar precocemente doenças de importância econômica e de saúde pública, implementar medidas de resposta de forma tempestiva e demonstrar, de maneira contínua, a ausência de circulação de patógenos de notificação obrigatória na produção comercial.

Entre essas enfermidades, a IAAP representa um dos principais desafios para o SVO, em razão de sua elevada capacidade de disseminação, do amplo espectro de hospedeiros suscetíveis e dos impactos sanitários, econômicos, ambientais e comerciais decorrentes de sua ocorrência.

Além da proteção da avicultura, a vigilância da IAAP possui importância estratégica para a saúde pública, a preservação da biodiversidade, a proteção ambiental e a manutenção do comércio internacional. Nesse contexto, a vigilância para influenza aviária constitui um dos principais instrumentos nacionais de prevenção, preparação e resposta e fundamentado na integração entre vigilância epidemiológica, laboratorial, genômica e ecológica.

Inserido na estrutura do Departamento de Saúde Animal (DSA), o Programa Nacional de Sanidade Avícola (PNSA), é estruturado com base em estratégias complementares de vigilância baseada em risco, diagnóstico laboratorial, investigação epidemiológica, implementação de biossegurança e resposta rápida às emergências zoonosológicas. A atuação coordenada entre o MAPA, os Serviços Veterinários Estaduais (SVE), a rede laboratorial oficial e o setor produtivo constituem um dos pilares para a manutenção da condição sanitária da avicultura brasileira e para a preservação da credibilidade do País perante os mercados internacionais.

Os tópicos a seguir apresentam a organização do sistema de vigilância para influenza aviária, abrangendo sua estrutura institucional, as estratégias de vigilância passiva e ativa, a rede laboratorial oficial e a incorporação da genômica às ações de

vigilância. A atuação integrada desses componentes fortalece a capacidade do SVO para detectar precocemente a circulação viral, monitorar a situação epidemiológica, investigar eventos sanitários, caracterizar os vírus circulantes e produzir evidências que subsidiem a avaliação de risco, a tomada de decisão e a formulação de políticas públicas voltadas à prevenção, preparação e resposta às emergências zoossanitárias.

1.2 Programa nacional de sanidade avícola

Instituído em 1994, o PNSA representa um dos principais instrumentos da política nacional de saúde animal, estabelecendo diretrizes para a prevenção, vigilância, controle e resposta às principais doenças que afetam a avicultura brasileira.

Desde sua criação, o programa vem sendo continuamente aprimorado, consolidando uma estrutura integrada de vigilância epidemiológica, monitoramento sanitário, diagnóstico laboratorial, certificação sanitária, medidas de biossegurança e preparação para emergências zoossanitárias. Essa evolução permitiu fortalecer a capacidade do SVO para prevenir a introdução e a disseminação de enfermidades de controle oficial, preservar o patrimônio avícola nacional e assegurar a credibilidade sanitária do Brasil perante os mercados internacionais.

Entre seus principais objetivos destacam-se:

- Prevenir e controlar as enfermidades de interesse em avicultura e saúde pública;
- Definir ações que possibilitem a certificação sanitária do plantel avícola nacional;
- Favorecer a elaboração de produtos avícolas saudáveis para o mercado interno e externo.

As principais doenças de controle oficial pelo PNSA são:

- Influenza aviária – País livre, único foco em aves comerciais em maio de 2025;
- Doença de *Newcastle* - País livre, último foco em aves comerciais em junho de 2024;
- Salmonelas – *Salmonella Gallinarum*, *Salmonella Pullorum*, *Salmonella Enteritidis*, *Salmonella Typhimurium* e salmonelas monofásicas;
- Micoplasmas – *Mycoplasma gallisepticum*, *Mycoplasma synoviae* e *Mycoplasma melleagridis* (perus).

As ações do PNSA são desenvolvidas de forma integrada entre o MAPA, responsável pela coordenação nacional das políticas e diretrizes técnicas, e os SVE, responsáveis pela execução das atividades de vigilância, atendimento às suspeitas,

investigação epidemiológica, coleta de amostras, implementação das medidas sanitárias e fiscalização em campo.

1.3 Organização do sistema nacional de vigilância

A vigilância para influenza aviária está organizada de forma descentralizada e integrada, mediante atuação articulada entre o MAPA e os SVE, nos diferentes níveis de execução do SVO.

No âmbito federal, compete ao DSA coordenar tecnicamente as ações nacionais, elaborar normas e diretrizes, realizar avaliações de risco, coordenar respostas às emergências sanitárias e entre outros, representar o país perante organismos internacionais.

As Superintendências Federais de Agricultura e Pecuária exercem funções de coordenação regional, acompanhamento das atividades executadas pelos estados e articulação entre o nível central e os SVE.

Os SVE constituem a estrutura operacional do sistema, sendo responsáveis pela execução das ações de campo, incluindo:

- vigilância passiva;
- vigilância ativa;
- investigação epidemiológica;
- coleta de amostras;
- fiscalização;
- implementação de medidas sanitárias;
- atendimento às notificações;
- educação sanitária.

A integração entre esses componentes possibilita a rápida detecção de eventos sanitários e a implementação coordenada das medidas de resposta.

1.4 Plano nacional de vigilância para influenza aviária

Em 2022, o DSA, do MAPA, promoveu uma revisão técnica e epidemiológica das estratégias nacionais de vigilância para influenza aviária e doença de *Newcastle* (DNC). Como resultado, foi instituído o novo Plano Nacional de Vigilância, estruturado para fortalecer a capacidade de detecção precoce, monitoramento contínuo, prevenção da introdução e resposta à disseminação dessas enfermidades no território nacional.

O Plano Nacional está organizado em diferentes componentes de vigilância, contemplando aves domésticas comerciais, aves de subsistência, aves silvestres e

compartimentos avícolas certificados, permitindo que as estratégias de vigilância sejam direcionadas de acordo com o risco epidemiológico de cada população-alvo.

A vigilância para influenza aviária fundamenta-se na integração entre vigilância passiva e ativa, diagnóstico laboratorial, vigilância genômica e avaliação de risco. Essa abordagem permite que informações provenientes de diferentes fontes sejam analisadas de forma complementar, ampliando a compreensão da dinâmica epidemiológica da doença e subsidiando a tomada de decisão baseada em evidências.

1.4.1 Vigilância Passiva

A vigilância passiva constitui o principal mecanismo de detecção precoce da IAAP no Brasil e compreende o **Componente 1 – Vigilância em aves domésticas** e o **Componente 2 – Vigilância em aves silvestres** do Plano Nacional de Vigilância para influenza aviária e DNC.

A vigilância passiva caracteriza-se como uma estratégia de vigilância baseada em eventos, fundamentada na identificação e investigação de eventos sanitários incomuns, como aumento de mortalidade, alterações clínicas ou outras ocorrências compatíveis com influenza aviária.

Essa estratégia baseia-se na notificação imediata de suspeitas clínicas ou epidemiológicas por produtores, médicos-veterinários, órgãos ambientais, instituições de pesquisa, laboratórios e demais atores envolvidos na cadeia produtiva e na vigilância da fauna silvestre.

Toda suspeita é investigada pelo SVO, seguindo procedimentos padronizados que incluem investigação epidemiológica, inspeção clínica, coleta de amostras, encaminhamento ao laboratório oficial e adoção das medidas sanitárias cabíveis.

Por abranger tanto aves domésticas quanto aves silvestres, a vigilância passiva representa o componente de maior sensibilidade para a identificação de eventos sanitários inesperados, especialmente aqueles associados ao aumento da mortalidade ou à ocorrência de sinais clínicos compatíveis com Síndrome Respiratória e Nervosa das Aves (SRN). Considerando a abordagem sindrômica adotada, as notificações que atendem aos critérios de suspeita são investigadas para influenza aviária e DNC, com realização concomitante do diagnóstico laboratorial para ambas as doenças, permitindo sua detecção ou exclusão no âmbito de uma mesma investigação.

Os procedimentos para atendimento às suspeitas encontram-se padronizados na **Ficha Técnica de influenza aviária**, disponível em <https://sisbravet.agro.gov.br/ficha-tecnica/publica/consultar>.

Como instrumento de transparência e divulgação das informações produzidas pela vigilância passiva, o MAPA disponibiliza o **Painel de Vigilância da influenza aviária e doença de Newcastle** <https://mapa-indicadores.agricultura.gov.br/publico/extensions/SRN/SRN.html>, que reúne e apresenta dados atualizados sobre as investigações e os focos confirmados das doenças no País, permitindo o acompanhamento de sua distribuição temporal, geográfica e segundo as populações e espécies acometidas. As informações disponibilizadas nesse painel constituem fonte oficial de consulta pública sobre a ocorrência da influenza aviária no Brasil e foram utilizadas como uma das bases de dados para a elaboração das análises epidemiológicas e genômicas apresentadas neste relatório.

1.4.2 Vigilância Ativa

A vigilância ativa complementa a vigilância passiva por meio da realização sistemática de amostragens planejadas em populações previamente definidas, permitindo o monitoramento contínuo da circulação viral mesmo na ausência de sinais clínicos.

No Brasil, as ações incluem o monitoramento sanitário em estabelecimentos avícolas comerciais industriais e de pequena escala, aves de subsistência e compartimentos avícolas certificados, utilizando critérios epidemiológicos para seleção das propriedades e das unidades amostrais.

A adoção de metodologias de vigilância baseada em risco permite direcionar os esforços para áreas geográficas, sistemas de produção e populações com maior probabilidade de exposição ao vírus, aumentando a eficiência operacional e a sensibilidade do sistema para detecção precoce.

Entre 2022 e 2026, a vigilância resultou em mais de 320 mil análises laboratoriais para IAAP e DNC, evidenciando a robustez da vigilância oficial e sua capacidade de monitorar continuamente a situação sanitária da avicultura brasileira.

1.5 Rede laboratorial oficial

A rede laboratorial oficial para o diagnóstico da influenza aviária é composta pelos Laboratórios Federais de Defesa Agropecuária (LFDA) e pelos laboratórios credenciados pelo MAPA, os quais atuam de forma integrada no suporte às ações de vigilância, monitoramento e resposta às emergências zoossanitárias.

Os LFDA são responsáveis pelo diagnóstico oficial, confirmação e caracterização laboratorial dos agentes etiológicos, incluindo a realização de ensaios moleculares,

isolamento viral, caracterização antigênica e genética, bem como pelo sequenciamento genômico dos vírus de influenza aviária no âmbito das vigilâncias passiva e ativa. Os laboratórios credenciados, por sua vez, realizam somente os testes de triagem no âmbito da vigilância ativa (os confirmatórios são realizados no LFDA) , desempenhando papel fundamental na certificação dos compartimentos avícolas e no atendimento aos requisitos sanitários para exportação.

O LFDA de São Paulo (LFDA-SP) é um Centro de Referência da Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO) e também, Laboratório de Referência da Organização Mundial de Saúde Animal (OMSA/WOAH) para influenza aviária. Portanto, o LFDA-SP exerce papel estratégico na vigilância, sendo responsável pela confirmação diagnóstica, caracterização dos vírus circulantes, sequenciamento genômico e suporte técnico-científico às investigações epidemiológicas.

No âmbito da vigilância genômica, durante o primeiro ano da emergência sanitária, o LFDA de Goiás (LFDA-GO) também participou da execução de etapas do protocolo de sequenciamento genômico, em articulação com a rede laboratorial oficial. Com a ampliação e consolidação da capacidade instalada, atualmente, o LFDA-SP e o Laboratório Federal de Defesa Agropecuária de Minas Gerais (LFDA-MG) realizam integralmente o processo de sequenciamento do genoma viral e bioinformática, permitindo a obtenção de genomas completos e a caracterização molecular dos vírus detectados.

A ampliação da capacidade diagnóstica e de análise genômica promovidos na rede laboratorial oficial, nos últimos anos, ampliaram a geração de informações estratégicas para o SVO, contribuindo para as investigações epidemiológicas, a caracterização das introduções virais, a compreensão dos padrões de circulação e dispersão do vírus e as avaliações de risco

Com a incorporação e o avanço das ferramentas de diagnóstico e caracterização molecular na rotina oficial, o sequenciamento completo do genoma viral consolidou-se como uma ferramenta complementar para a investigação epidemiológica. A estrutura da vigilância genômica e suas aplicações no âmbito da vigilância nacional da influenza aviária são apresentadas detalhadamente no Capítulo 3.

1.6 Integração da vigilância

Embora descritos separadamente, neste documento, para fins didáticos, a vigilância passiva e a ativa para influenza aviária são componentes que atuam de forma integrada para a detecção precoce. A detecção de suspeitas em campo, a investigação epidemiológica, o diagnóstico laboratorial, a caracterização genômica e a avaliação de risco constituem etapas complementares de um mesmo processo de geração de

inteligência epidemiológica. Essa integração permite ampliar a capacidade do SVO para compreender a dinâmica da doença, reduzir incertezas nas investigações e subsidiar decisões técnicas e estratégicas voltadas à prevenção, preparação e resposta às emergências zoossanitárias.

CAPÍTULO 2

Vigilância genômica da influenza aviária no Brasil: implementação e aplicações

2.1 Introdução

A confirmação dos primeiros focos de IAAP no Brasil, em maio de 2023, representou um marco para a vigilância em saúde animal e evidenciou a necessidade de ampliar a capacidade do SVO de compreender a dinâmica epidemiológica do vírus introduzido no país. Embora a investigação epidemiológica tradicional forneça informações essenciais sobre a ocorrência dos focos, espécies afetadas, localização geográfica e possíveis fatores de risco, diversas questões relacionadas à origem dos vírus, aos eventos de introdução e à sua evolução genética somente podem ser respondidas por meio da vigilância genômica.

Diferentemente da utilização do sequenciamento genético exclusivamente para fins de caracterização molecular, a estratégia adotada pelo MAPA teve como princípio a integração entre genômica e epidemiologia, de modo a incorporar os achados laboratoriais à interpretação dos eventos sanitários e ampliar a compreensão sobre as possíveis origens, relações epidemiológicas e dinâmica de dispersão dos vírus detectados no país.

2.2 Justificativa para implementação da vigilância genômica

A atual panzootia causada pelo vírus H5N1 do clado 2.3.4.4b caracteriza-se por elevada diversidade genética, múltiplos eventos independentes de introdução entre continentes e frequentes processos de rearranjo genético, tornando insuficiente a utilização exclusiva das informações epidemiológicas tradicionais para compreender sua dinâmica de circulação.

A complexidade epidemiológica da doença devido à ampla dispersão do vírus por aves migratórias, à capacidade de adaptação viral a diferentes espécies hospedeiras e, à ocorrência de eventos em mamíferos silvestres e domésticos, tornou necessário o uso de ferramentas de genômica e de bioinformática para subsidiar questões estratégicas para o SVO, tais como:

- Os vírus detectados estão relacionados a um mesmo evento de introdução ou representam eventos independentes?

- Existe evidência de disseminação secundária entre estabelecimentos ou regiões?
- Qual a provável origem dos vírus detectados?
- Como os vírus evoluem ao longo do tempo?
- Existem novas linhagens circulando na América do Sul?
- Os vírus detectados apresentam associação com diferentes espécies de hospedeiros?
- Como essas informações podem subsidiar avaliações de risco e orientar a vigilância?

A vigilância genômica foi incorporada justamente para complementar essas respostas, fornecendo evidências adicionais às investigações epidemiológicas.

Quadro 1. Aplicações da vigilância genômica para apoiar a investigação epidemiológica e a tomada de decisão do Serviço Veterinário Oficial.

Pergunta epidemiológica	Como a vigilância genômica contribui	Aplicação para o Serviço Veterinário Oficial
De onde veio o vírus?	Análises filogenéticas e comparação com sequências nacionais e internacionais possibilitam identificar a provável origem do vírus e sua relação com linhagens circulantes em outros países.	Apoia a identificação de possíveis vias de introdução e subsidia avaliações de risco.
O vírus sofreu mutações relevantes?	Comparação entre genomas completos permite identificar mutações, deleções, inserções e outros eventos evolutivos.	Monitora a evolução viral, identifica alterações com potencial impacto na adaptação a novos hospedeiros, na patogenicidade, na transmissão e na sensibilidade a antivirais, subsidiando a avaliação de risco no contexto de Uma Só Saúde.
O foco representa uma nova introdução ou um evento relacionado a outro foco?	Comparação entre genótipos, árvores filogenéticas e distância genética entre os vírus.	Auxilia a diferenciar introduções independentes de possíveis eventos de disseminação secundária.
Pode ter ocorrido disseminação entre estabelecimentos?	Elevada similaridade genética entre vírus, interpretada em conjunto com informações epidemiológicas, temporais e espaciais.	Complementa a investigação epidemiológica e fortalece as conclusões sobre possíveis cadeias de transmissão.

Como o vírus está evoluindo ao longo do tempo?	Sequenciamento completo do genoma, análise de variantes e filogenéticas, e monitoramento contínuo das linhagens circulantes.	Permite acompanhar mudanças evolutivas e atualizar avaliações de risco.
Há circulação de novas linhagens ou genótipos?	Monitoramento genômico contínuo e comparação com bancos de dados internacionais.	Detecta precocemente novas introduções e subsidia estratégias de vigilância e preparação.
Os diferentes focos estão epidemiologicamente relacionados?	Integração entre distância genética, posicionamento filogenético, cronologia dos eventos e localização geográfica.	Apoia a reconstrução da dinâmica de disseminação e a interpretação das investigações de campo.
As estratégias de vigilância precisam ser ajustadas?	A integração entre informações genômicas, epidemiológicas e ecológicas permite que a vigilância adote uma abordagem baseada pelo risco, pelas rotas de disseminação (espacial) e pelos padrões de circulação viral.	Orienta a vigilância baseada em risco, a seleção de áreas e, se necessário, espécies prioritárias

2.3 Objetivos da vigilância genômica

A vigilância genômica foi implementada com os seguintes objetivos:

- complementar a vigilância epidemiológica por meio da caracterização do vírus, reconstrução da dinâmica de disseminação e para orientar a resposta ao evento;
- caracterizar geneticamente os vírus detectados no Brasil;
- identificar possíveis origens e vias de introdução do vírus;
- avaliar a relação entre diferentes focos e eventos de infecção;
- monitorar a evolução genética das linhagens circulantes assim como, a introdução de novas variantes virais;
- identificar mudanças genéticas associadas à adaptação a diferentes hospedeiros;
- detectar eventos de rearranjo genético e surgimento de novos genótipos;
- integrar informações genômicas às investigações epidemiológicas;
- subsidiar avaliações de risco;
- fortalecer a vigilância baseada em evidências e integrada a perspectiva de Uma só saúde.

2.4 Fluxo operacional da vigilância genômica

A vigilância genômica foi estruturada como uma extensão do processo de investigação epidemiológica. Assim, no fluxo operacional, após a confirmação

laboratorial da infecção pelo vírus da IAAP, amostras que atendem os critérios de qualidade são submetidas ao sequenciamento completo do genoma viral.

Os dados gerados do sequenciamento são processados por meio de análises bioinformáticas, como a montagem do genoma, a identificação dos segmentos virais, a determinação do genótipo, a construção de análises filogenéticas e a comparação com sequências disponíveis em bancos de dados internacionais.

Posteriormente, os resultados genômicos são integrados às informações epidemiológicas, incluindo:

- espécie hospedeira;
- localização geográfica;
- data de detecção;
- características do foco;
- fatores de risco identificados;
- histórico epidemiológico.

Essa integração possibilita uma interpretação mais abrangente da dinâmica de introdução, circulação e evolução dos vírus.

Figura 1. Modelo conceitual da integração entre vigilância epidemiológica e genômica



CAPÍTULO 3

Vigilância epidemiológica da influenza aviária no Brasil: resultados

3.1 Introdução

A confirmação dos primeiros focos de IAAP no Brasil marcou o início de uma nova fase para o SVO, caracterizada pela necessidade de monitoramento contínuo da circulação viral em um território de dimensões continentais e detentor de uma das maiores populações avícolas do mundo. Desde então, a vigilância consolidou um amplo conjunto de informações provenientes das notificações e das investigações realizadas em aves silvestres e domésticas. Esses dados têm permitido acompanhar a evolução temporal e espacial da doença, identificar alterações no perfil das espécies e dos ambientes afetados e ampliar a compreensão sobre a dinâmica ecológica e epidemiológica do vírus no território nacional.

Ao longo do período analisado, verificou-se que o padrão epidemiológico da IAAP no Brasil não permaneceu estático. A fase inicial da emergência foi caracterizada, predominantemente, pela ocorrência de focos em aves aquáticas migratórias e outras aves silvestres associadas a ambientes costeiros. Posteriormente, observou-se a ampliação da distribuição das ocorrências, com aumento das detecções em aves terrestres, áreas rurais e aves domésticas, configurando um cenário epidemiológico progressivamente mais complexo.

3.2 Introdução do vírus no território nacional

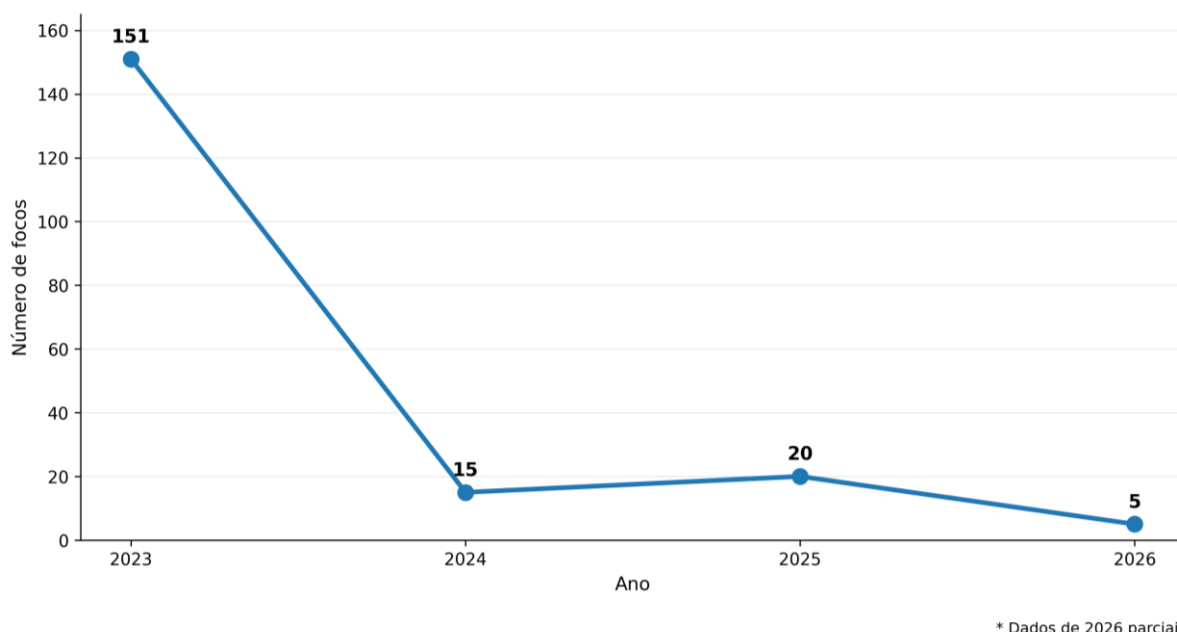
A IAAP foi confirmada pela primeira vez no Brasil em 15 de maio de 2023, marcando a introdução do vírus influenza A(H5N1) de alta patogenicidade no território nacional. Até então, a doença era considerada exótica no país.

As primeiras detecções ocorreram em duas aves da espécie *Thalasseus acuflavidus* (trinta-réis-de-bando) e em uma ave da espécie *Sula leucogaster* (atobá-pardo), encontradas na região litorânea do Estado do Espírito Santo. Esses registros foram compatíveis com o padrão observado durante a expansão do vírus H5N1 pela América do Sul, associado principalmente ao deslocamento de aves silvestres e à circulação viral em ambientes naturais e costeiros.

3.3 Evolução cronológica dos focos

A distribuição anual dos focos demonstra que o maior impacto epidemiológico ocorreu durante o primeiro ano de detecção do vírus no país, conforme apresentado na Figura 2.

Figura 2. Evolução anual do número de novos focos de influenza aviária de alta patogenicidade no Brasil



Em 2023, foram confirmados 151 focos de IAAP. Nos anos subsequentes, foram registrados 15 focos em 2024, 20 focos em 2025 e cinco focos entre janeiro e julho de 2026.

Esses dados evidenciam uma redução expressiva no número anual de novos focos em comparação ao período inicial da emergência sanitária. Essa redução, entretanto, não representa a eliminação do risco de novas introduções ou de disseminação do vírus, considerando sua dispersão em populações de aves silvestres, sua ampla distribuição geográfica mundial e a possibilidade de exposição recorrente das aves domésticas.

3.4 Situação epidemiológica no período analisado

Entre 15 de maio de 2023 e o final do mês de julho* de 2026, foram confirmados 191 focos de IAAP no Brasil, distribuídos em 14 unidades da federação e 91 municípios.

Os focos envolveram espécies distintas, abrangendo aves silvestres de vida livre, aves silvestres mantidas em cativeiro, aves domésticas de subsistência, aves de

produção comercial, aves ornamentais e mamíferos silvestres. Essa diversidade evidencia a ampla variedade de hospedeiros suscetíveis e de contextos epidemiológicos nos quais ocorreu exposição ao vírus durante o período analisado.

No mesmo período, foram realizadas 4.346 investigações de suspeitas de síndrome respiratória e neurológica das aves (SRN), das quais 1.333 foram classificadas como casos prováveis e submetidas aos procedimentos de investigação epidemiológica e diagnóstico laboratorial previstos pelo Sistema Nacional de Vigilância.

A maior parte dos focos ocorreu em aves silvestres de vida livre, correspondendo a 172 registros, ou 90,1% do total. Esse resultado reflete o papel central dessas populações na introdução, dispersão e manutenção da circulação viral em ambientes naturais.

Embora menos frequentes, foram registrados 16 focos em aves domésticas de subsistência. Esses sistemas apresentam maior potencial de contato com aves silvestres, em razão do acesso frequente ao ambiente externo e da possibilidade de compartilhamento de água, alimento e outros recursos, constituindo uma importante interface a ser considerada na avaliação das possíveis vias de introdução do vírus.

Em 15 de maio de 2025, foi confirmado o primeiro foco de IAAP em aves de produção comercial no Brasil, em um estabelecimento de matrizes comerciais localizado no município de Montenegro, Rio Grande do Sul. O episódio foi considerado pontual e foi submetido imediatamente às medidas de contenção e erradicação previstas no Plano Nacional de Contingência, incluindo interdição do estabelecimento, eliminação das aves, limpeza e desinfecção, vigilância nas áreas estabelecidas e investigação dos possíveis vínculos epidemiológicos. Após a conclusão das medidas sanitárias no local, a ausência de novos focos em aves comerciais e o cumprimento dos requisitos aplicáveis, o Brasil recuperou sua condição de país livre de IAAP em aves de produção comercial, mediante autodeclaração encaminhada à Organização Mundial de Saúde Animal — OMSA, em 18 de junho de 2025.

Em conjunto, esses resultados demonstram que a epidemiologia da IAAP no Brasil evoluiu ao longo do período analisado. Após uma fase inicial caracterizada pela elevada ocorrência de focos associados à introdução do vírus em aves silvestres, observou-se uma redução no número anual de novos focos e uma mudança gradual no perfil epidemiológico dos eventos detectados. A compreensão dessa dinâmica requer a integração das análises temporal, espacial, ecológica e genômica, apresentadas nas seções seguintes, permitindo identificar padrões de introdução, dispersão e evolução viral.

*data de referência: 27 de julho de 2026

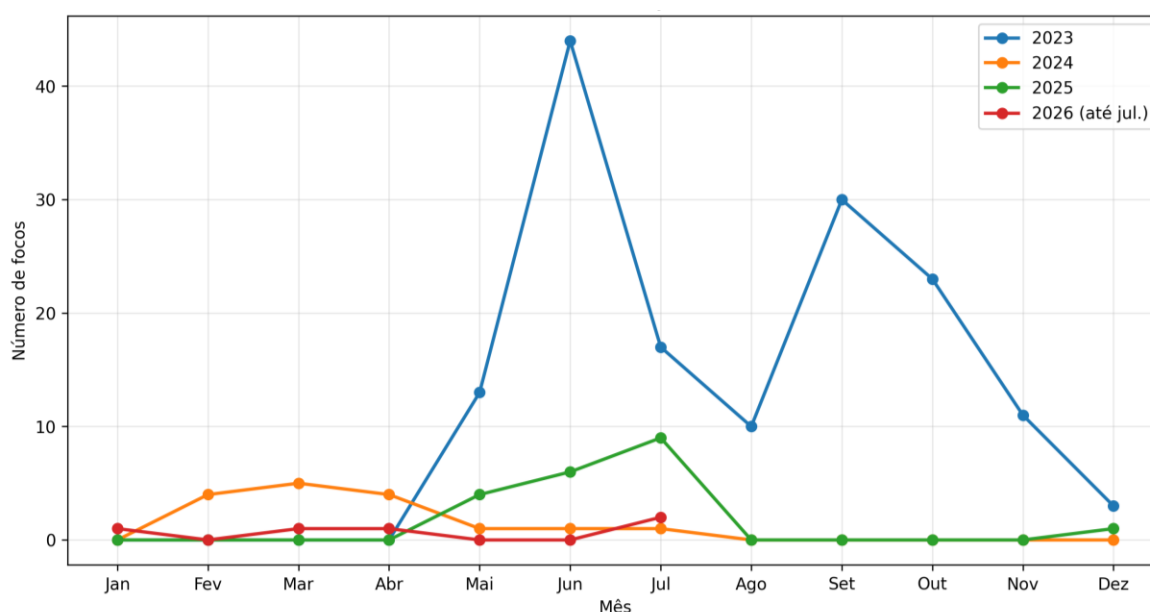
3.5 Evolução temporal

A distribuição temporal dos focos demonstra que a introdução da IAAP no Brasil ocorreu em período compatível com a chegada de aves migratórias pelas principais rotas migratórias da América do Sul, corroborando as evidências de que essas espécies desempenharam papel fundamental na introdução do vírus no continente. Entretanto, conforme observado pela OMSA e pela OFFLU, a ocorrência de focos nos anos subsequentes evidencia que a epidemiologia da doença não pode ser explicada exclusivamente pelos movimentos migratórios de longa distância. Embora a distribuição temporal dos focos continue apresentando associação com os períodos de maior movimentação de aves migratórias, registros foram observados em diferentes épocas do ano, indicando que o risco de ocorrência da doença resulta da interação de diversos fatores ecológicos e epidemiológicos.

Esse cenário reforça a necessidade de manutenção de sistemas de vigilância epidemiológica contínuos e sensíveis, capazes de detectar precocemente alterações no padrão temporal de ocorrência da doença, identificar mudanças no perfil epidemiológico dos focos para subsidiar avaliações de risco permanentemente atualizadas.

A Figura 3 apresenta a distribuição mensal dos focos confirmados de IAAP no Brasil entre maio de 2023 e julho de 2026.

Figura 3 - Distribuição mensal dos focos de influenza aviária de alta patogenicidade no Brasil



No primeiro ano da emergência sanitária (2023), observou-se um expressivo aumento no número de focos entre os meses de junho e outubro, período correspondente à introdução do vírus no território nacional e à ocorrência dos primeiros registros em aves silvestres, predominantemente na faixa litorânea brasileira.

Em 2024, verificou-se redução acentuada no número de focos, com registros concentrados entre fevereiro e julho, indicando um cenário epidemiológico distinto daquele observado durante a fase inicial da introdução do vírus.

No ano de 2025, observou-se novo aumento no número de focos entre maio e julho, período em que foi confirmado o primeiro foco em aves de produção comercial no país, além de registros em aves domésticas de subsistência, aves silvestres e mamíferos silvestres.

Em 2026, até julho, os focos tiveram distribuição temporal compatível com o período de maior movimentação de aves migratórias e demonstrando que o risco de novas introduções permanece mais elevado durante esse período.

De forma geral, os dados evidenciam forte influência de um padrão sazonal influenciado pelos movimentos migratórios das aves silvestres, sem excluir a contribuição de outros fatores ecológicos e epidemiológicos na ocorrência dos focos registrados. Esses resultados reforçam a importância da manutenção das atividades de vigilância ao longo de todo o ano, com intensificação das ações durante os períodos de maior risco epidemiológico.

3.6 Distribuição geográfica

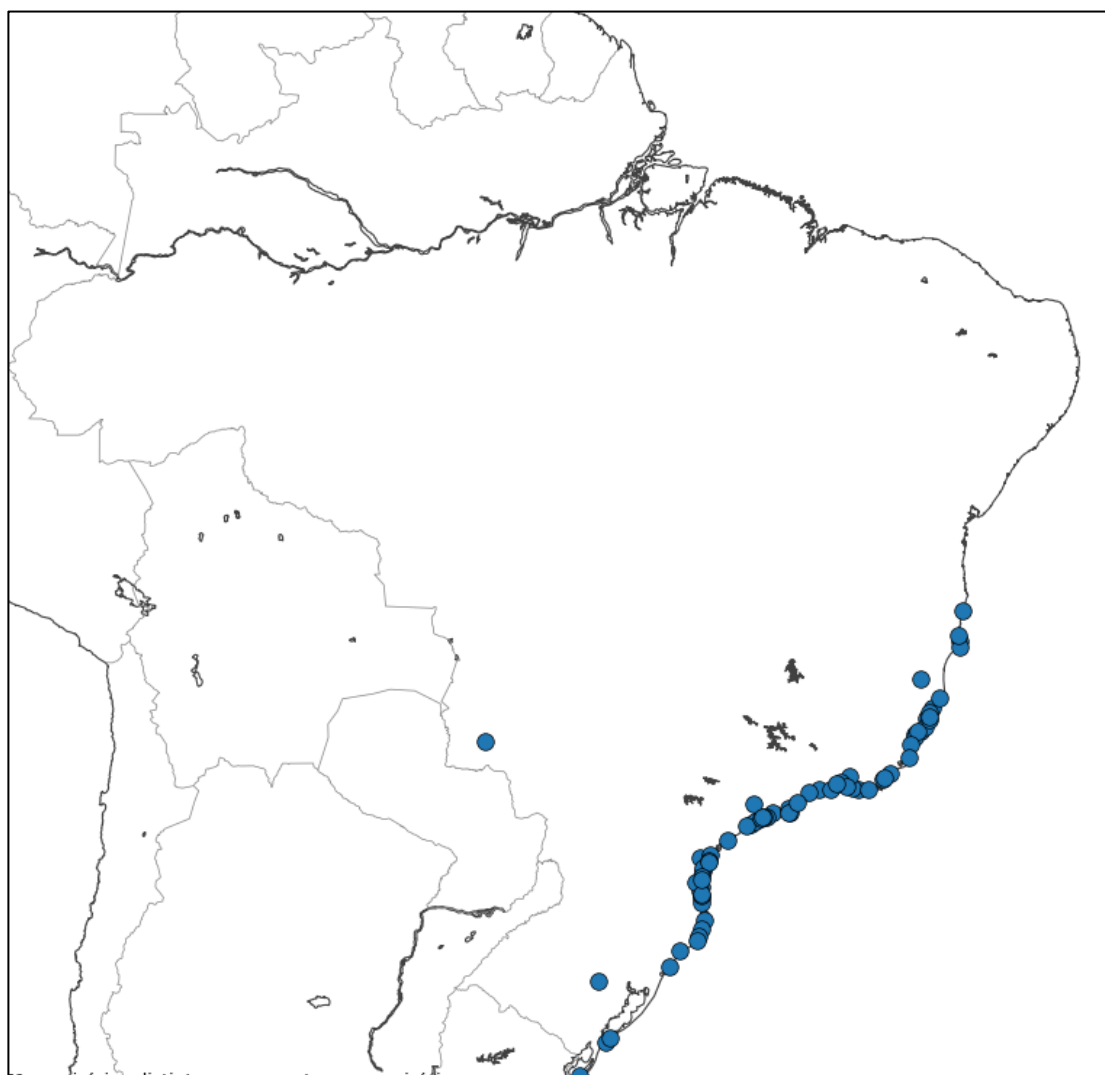
A distribuição geográfica dos focos de IAAP no Brasil demonstra uma evolução gradual do padrão espacial observado desde a introdução do vírus no país. Entre maio de 2023 e julho de 2026, foram confirmados focos em 14 unidades da federação e 91 municípios, abrangendo diferentes biomas, ecossistemas e sistemas de produção. A análise espacial demonstra que os focos ocorreram em distintos contextos epidemiológicos ao longo do período, refletindo a diversidade de espécies suscetíveis, de ambientes ecológicos e das interfaces entre aves silvestres e aves domésticas.

Os primeiros focos foram registrados predominantemente na faixa litorânea das regiões Sudeste e Sul, envolvendo aves marinhas e costeiras, especialmente trinta-réis (*Thalasseus* spp. e *Sterna* spp.), atobás (*Sula leucogaster*) e outras espécies associadas a ambientes costeiros. A concentração dos primeiros focos de IAAP na região costeira brasileira coincide com áreas reconhecidas como importantes para aves migratórias, utilizadas regularmente para rota, pousio, descanso, alimentação e reprodução. Essas áreas concentram indivíduos provenientes de diferentes populações migratórias e

favorecem a interação entre aves migratórias e residentes, aumentando as oportunidades de exposição ao vírus e sua dispersão ao longo das rotas migratórias.

A distribuição geográfica dos focos registrados em 2023 e 2024 apresentou marcada concentração ao longo da faixa costeira brasileira (Figura 4), compatível com a predominância das detecções em aves silvestres associadas a ambientes costeiros e marinhos durante esse período.

Figura 4 - Distribuição geográfica dos focos de alta patogenicidade nos anos de 2023 e 2024



Esse comportamento também está em consonância com as avaliações da WOA, FAO/OFFLU e Autoridade Europeia para a Segurança dos Alimentos (EFSA, do inglês European Food Safety Authority), que reconhecem o papel das aves migratórias na introdução do vírus em novos territórios, ao mesmo tempo em que destacam que a distribuição espacial observada após essa introdução passa a refletir uma dinâmica ecológica mais complexa, envolvendo diferentes espécies silvestres, ambientes

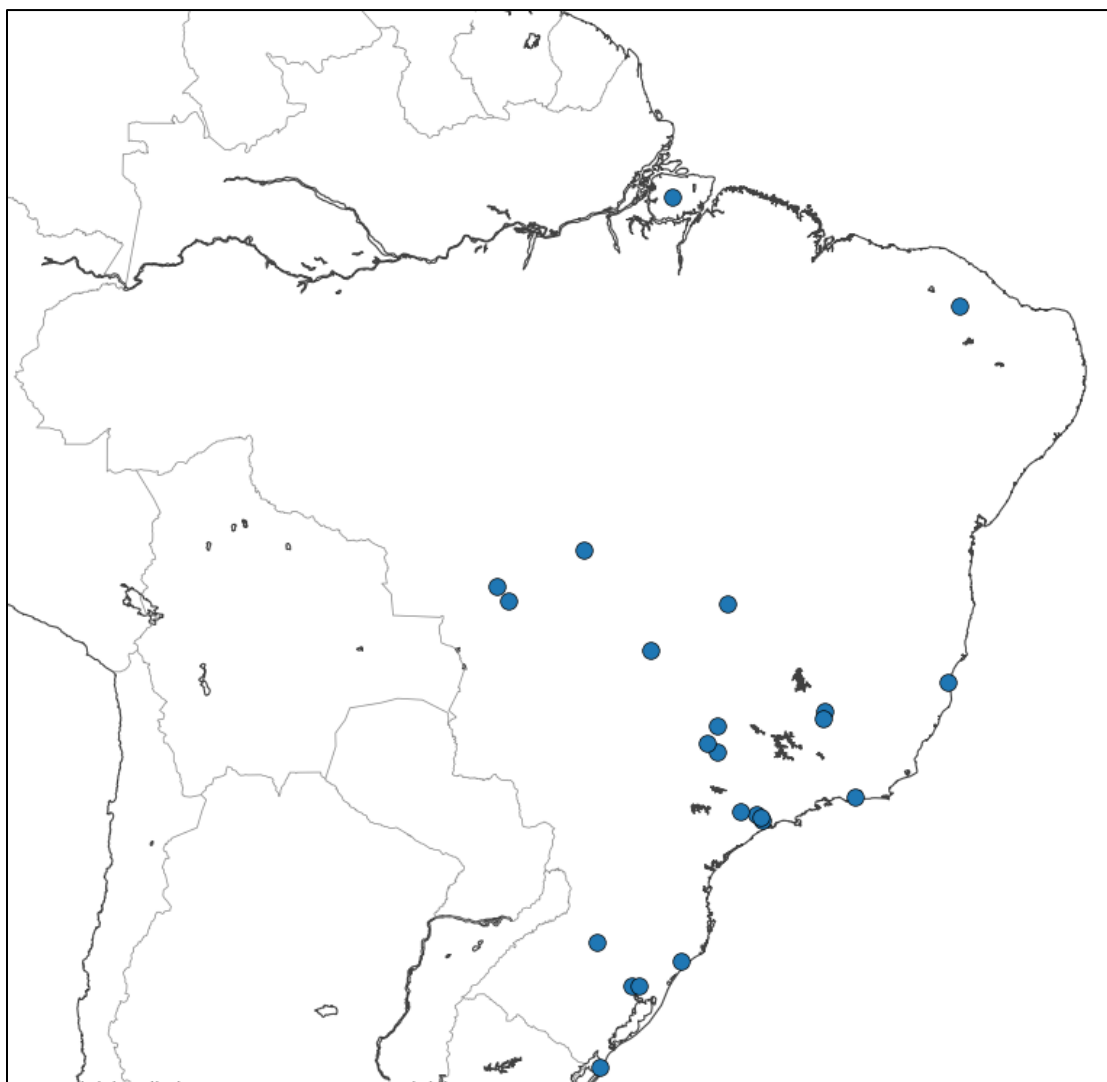
naturais e interfaces ecológicas, não podendo ser explicada exclusivamente pelos movimentos migratórios de longa distância.

Durante 2023, observou-se uma distribuição praticamente contínua de focos ao longo do litoral dos estados do Espírito Santo, Rio de Janeiro, São Paulo, Paraná, Santa Catarina, Rio Grande do Sul e sul da Bahia. A elevada concentração de registros nessas áreas coincide com importantes áreas de alimentação, repouso e reprodução de aves aquáticas e marinhas, além de extensos ambientes costeiros reconhecidos internacionalmente como locais de maior risco para a introdução dos vírus da influenza aviária.

Sob a perspectiva epidemiológica, esses ambientes podem atuar como importantes interfaces ecológicas para a introdução e a dispersão do vírus, uma vez que a elevada densidade de aves, o compartilhamento de áreas de alimentação e repouso e a permanência temporária de indivíduos infectados favorecem a transmissão entre diferentes espécies silvestres. Esse processo pode contribuir para eventos subsequentes de spillover para aves residentes e, eventualmente, para aves domésticas quando existirem interfaces epidemiológicas favoráveis.

Nos anos subsequentes, especialmente em 2025, verificou-se maior dispersão geográfica das detecções, com registros em áreas continentais, incluindo aves aquáticas residentes e aves domésticas de subsistência. Esse padrão também foi descrito em países da Europa e das Américas, nos quais, após a introdução inicial do vírus, observou-se aumento da diversidade de espécies afetadas e dos ambientes nos quais ocorreram as detecções.

Figura 5 - Distribuição geográfica dos focos de alta patogenicidade nos anos de 2025 a julho de 2026



Os focos em aves domésticas de subsistência apresentaram distribuição geográfica mais dispersa, sendo registrados em diferentes estados das regiões Centro-Oeste, Sudeste, Sul, Nordeste e Norte, incluindo Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás, Espírito Santo, Minas Gerais, São Paulo, Santa Catarina, Rio Grande do Sul, Ceará e Pará. Esse padrão demonstra que a interface entre aves silvestres e criações de fundo de quintal pode ocorrer em diferentes contextos ecológicos e produtivos, independentemente da proximidade com o litoral.

Em contraste, durante todo o período analisado, foi confirmado apenas um foco em estabelecimento avícola comercial, localizado no Estado do Rio Grande do Sul, prontamente controlado pelo SVO. A ocorrência de um único foco na avicultura comercial, em comparação com o número de detecções em aves silvestres, demonstrando que a circulação do vírus na fauna silvestre não resulta, necessariamente, em sua introdução nos sistemas comerciais, especialmente quando são mantidas medidas efetivas de biossegurança e prevenção.

De forma geral, a evolução da distribuição geográfica dos focos no Brasil demonstra um padrão compatível com o descrito internacionalmente para a IAAP: introdução inicial em aves silvestres associadas a ambientes costeiros, seguida pela identificação de focos em maior diversidade de espécies e ambientes. Essa expansão espacial deve ser interpretada como reflexo da diversidade de hospedeiros suscetíveis, das características ecológicas dos diferentes ambientes e da intensificação das atividades de vigilância conduzidas pelo SVO.

Esses resultados reforçam a importância da manutenção de sistemas de vigilância distribuídos em todo o território nacional, contemplando tanto áreas costeiras e zonas úmidas utilizadas por aves migratórias quanto ambientes continentais onde exista interface entre fauna silvestre e aves domésticas, permitindo a detecção precoce de novas introduções e a rápida implementação das medidas de resposta sanitária.

3.7 Distribuição por espécies

A distribuição dos focos por espécies também demonstra uma evolução do perfil epidemiológico da IAAP no Brasil. No período analisado, foram identificadas 41 espécies de aves e 2 espécies de mamíferos acometidas pela IAAP. Conforme citado anteriormente, nos dois primeiros anos da emergência sanitária, mais de 90% das detecções ocorreram em aves aquáticas, principalmente em espécies migratórias associadas aos ambientes costeiros, com predominância dos trinta-réis (*Thalasseus acutiflavus* e *Thalasseus maximus*), que concentraram a maior parte dos registros confirmados. Também foram identificados focos em outras aves marinhas e costeiras, como trinta-réis (*Sterna* spp.), atobás (*Sula leucogaster*), gaivotas, fragatas e biguás.

Entretanto, a evolução das ocorrências revelou mudanças importantes na diversidade de espécies acometidas. Observou-se aumento do número de detecções em aves aquáticas residentes, aves terrestres de vida livre, aves domésticas de subsistência e, posteriormente, aves de produção comercial. Foram registrados focos em espécies como irerê (*Dendrocygna viduata*), marreca-cabocla (*Dendrocygna autumnalis*), marreca-caneleira (*Dendrocygna bicolor*), joão-de-barro (*Furnarius rufus*), garças, carcará (*Caracara plancus*), gaviões, galinhas (*Gallus gallus domesticus*), galinhas-d'angola (*Numida meleagris*), perus (*Meleagris gallopavo*), entre outros, além de mamíferos marinhos, como o leão-marinho-da-patagônia (*Otaria flavescens*).

A Tabela 1 apresenta a distribuição dos focos segundo a Ordem e espécie acometida no período avaliado.

Tabela 1: Distribuição dos focos de alta patogenicidade segundo a Ordem e espécie acometida

Ordem	Espécie	Número de focos
Accipitriformes	Rupornis magnirostris (gavião-carijó)	1
	Urubitinga urubitinga (gavião-preto)	1
Anseriformes	Dendrocygna viduata (irerê)	4
	Cygnus atratus (cisne-negro)	2
	Anatidae (pato)	1
	Coscoroba coscoroba (capororoca)	1
	Cygnus melancoryphus (cisne-de-pescoço-preto)	1
	Dendrocygna autumnalis (marreca-cabocla)	1
	Dendrocygna bicolor (marreca-caneleira)	1
Carnivora	Otaria flavescens (leão-marinho-da-patagônia)	5
Charadriiformes	Thalasseus acuflavidus (trinta-réis-de-bando)	61
	Thalasseus maximus (trinta-réis-real)	51
	Sterna hirundo (trinta-réis-boreal)	12
	Sterna hirundinacea (trinta-réis-de-bico-vermelho)	8
	Chroicocephalus cirrocephalus (gaivota-de-cabeça-cinza)	1
	Chroicocephalus maculipennis (gaivota-maria-velha)	1
	Pluvialis dominica (batuiruçu)	1
	Vanellus chilensis (quero-quero)	1
Falconiformes	Carcara plancus (carcará)	1
Galliformes	Meleagris gallopavo (peru)	1
	Numida meleagris (galinha-d'angola)	1
	Gallus gallus (galinha)	15
Passeriformes	Furnarius rufus (joão-de-barro)	1
Pelecaniformes	Ardea alba (garça-branca-grande)	1
	Ardea cocoi (garça-moura)	1
	Egretta thula (garça-branca-pequena)	1
	Nycticorax nycticorax (socó-dorminhoco)	1
	Plegadis chihi (caraúna)	1
Procellariiformes	Puffinus puffinus (bobo-pequeno)	4
	Procellaria aequinoctialis (pardela-preta)	2
	Pachyptila desolata (faigão-rola)	1
Strigiformes	Megascops choliba (corujinha-do-mato)	1
Suliformes	Sula leucogaster (atobá-pardo)	3
	Nannopterum brasilianum (biguá)	2
	Fregata magnificens (fragata)	1

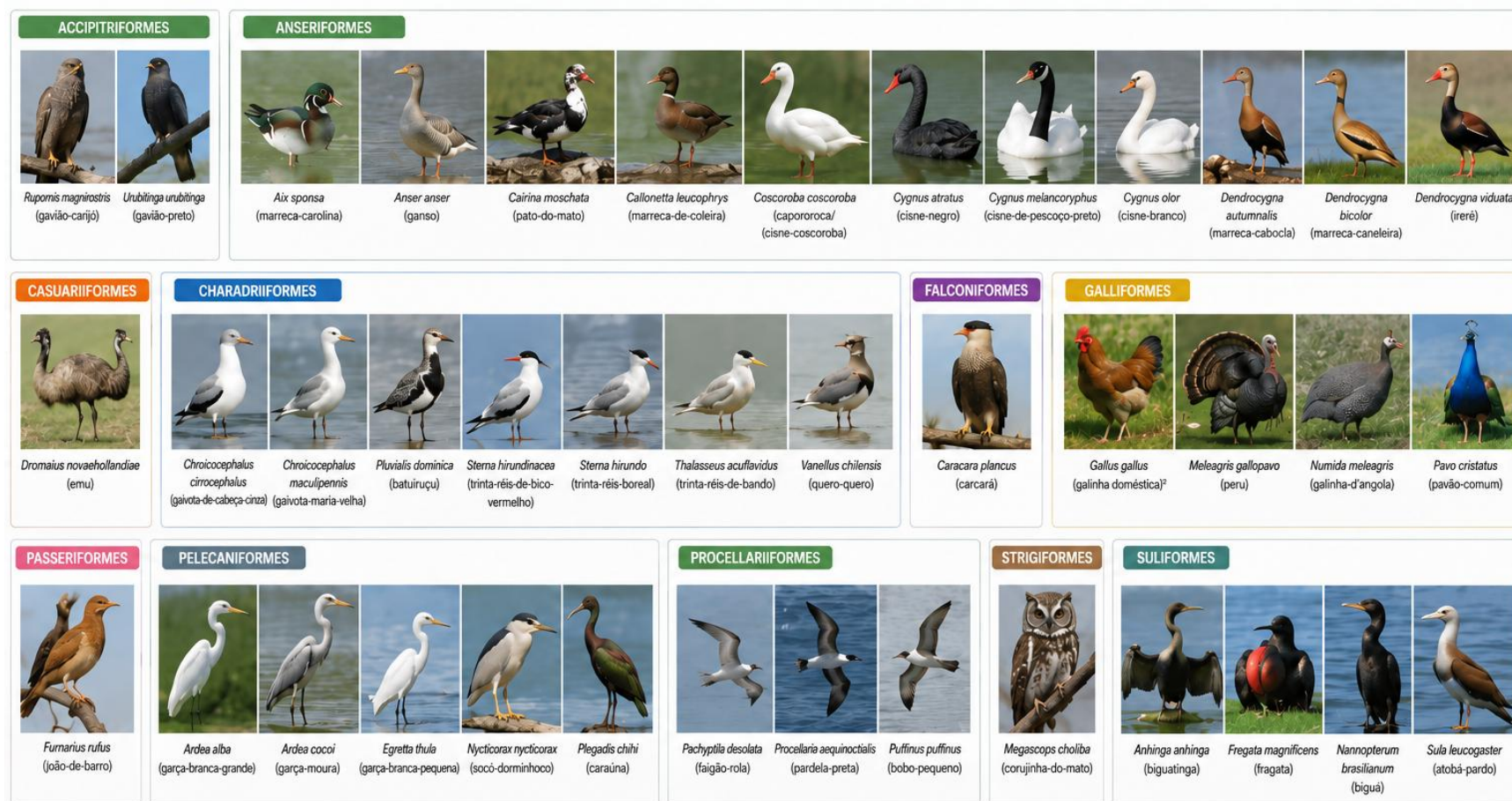
Nota: Dados obtidos da base de dados do painel público de influenza aviária utilizando somente as espécies principais da investigação epidemiológica dos focos.

Essa diversificação de hospedeiros é compatível com o processo descrito pela EFSA como amplificação ecológica (*ecological amplification*), no qual, após a introdução inicial do vírus em uma região, ocorre aumento das detecções em diferentes comunidades de fauna silvestre que compartilham habitats, áreas de alimentação e locais de repouso.

A literatura internacional também destaca a importância de determinadas espécies como potenciais hospedeiros-ponte (*bridge hosts*), capazes de utilizar simultaneamente ambientes naturais e áreas de produção animal. Essas espécies podem favorecer a interface epidemiológica entre aves aquáticas, que constituem o principal reservatório natural dos vírus influenza A, e as aves domésticas, ampliando as oportunidades de exposição. No Brasil, a identificação de focos em aves aquáticas residentes, aves terrestres sinantrópicas, aves de rapina e aves domésticas reforça a importância de considerar essas interfaces ecológicas nas estratégias de vigilância baseada em risco.

A diversidade de espécies acometidas ao longo do período é apresentada na Figura 6, elaborada a partir dos registros de espécies principais e não principais associados aos focos de IAAP (painel de influenza aviária).

Figura 6. Diversidade taxonômica das aves acometidas pela influenza aviária de alta patogenicidade, Brasil, 2023–2026



Nota: Para a elaboração da imagem, foram considerados todos os registros de espécies associados aos focos de IAAP, incluindo aqueles classificados na base de dados (painel de influenza aviária) como **espécie principal** e **espécie não principal**. A base compreende 218 registros, sendo 191 oriundos de focos contendo as espécies principais e 27 registros de espécies não principais. Uma mesma investigação pode apresentar mais de uma espécie acometida; portanto, o número de registros de espécies não corresponde, necessariamente, ao número de focos

Embora a diversidade de espécies afetadas tenha aumentado ao longo do período analisado (Figura 1), as aves aquáticas permaneceram como o principal grupo epidemiológico envolvido. A ampliação das espécies acometidas evidencia a necessidade de programas de vigilância que contemplem não apenas aves migratórias, mas também aves residentes, espécies sinantrópicas, predadores, necrófagos e outras espécies com potencial de conexão epidemiológica entre ambientes naturais e sistemas de produção.

A Tabela 2 resume os principais grupos taxonômicos identificados, suas características ecológicas e os ambientes predominantes de ocorrência.

Tabela 2 – Caracterização ecológica e ambiental dos principais grupos taxonômicos acometidos por influenza aviária de alta patogenicidade no Brasil

Ordem	Principal característica ecológica	Ambiente predominante
Charadriiformes	Trinta-réis, gaivotas, maçaricos	Aquático costeiro
Anseriformes	Patos, marrecas, cisnes, irerês	Aquático continental
Suliformes	Atobás, biguás	Aquático
Pelecaniformes	Garças, socós	Áreas úmidas
Procellariiformes	Pardelas, bobos	Marinho oceânico
Galliformes	Galinhas, perus, galinha-d'angola	Terrestre (doméstico)
Accipitriformes	Gaviões	Terrestre (predadores)
Falconiformes	Carcará	Terrestre (predador/oportunista)
Passeriformes	João-de-barro	Terrestre
Strigiformes	Corujas	Terrestre
Carnivora	Leões-marinhos	Marinho

Ao longo do período analisado, a IAAP foi confirmada em espécies pertencentes a 11 ordens taxonômicas. Inicialmente, os focos concentraram-se em ordens tipicamente associadas aos ambientes aquáticos e costeiros, especialmente Charadriiformes, Suliformes, Procellariiformes e Anseriformes. Posteriormente, observou-se expansão para ordens predominantemente terrestres, incluindo Accipitriformes, Falconiformes, Passeriformes, Strigiformes e Galliformes, além do registro em mamíferos marinhos (Carnivora). Esse padrão acompanha a evolução observada em diversos países da Europa e das Américas, onde a persistência da circulação viral passou a envolver um número crescente de espécies e ordens taxonômicas.

Apesar dessa diversidade, observou-se forte concentração dos focos na ordem Charadriiformes, responsável por 136 registros, correspondentes a aproximadamente

71% dos focos, com destaque para trinta-réis-de-bando (*Thalasseus acuflavidus*), espécie com maior número de ocorrências.

Tabela 3 - Síntese da diversidade taxonômica das espécies acometidas por influenza aviária de alta patogenicidade no Brasil

Indicador	Valor
Número de ordens taxonômicas	11
Ordem mais frequente	Charadriiformes (136 focos; ~71%)
Espécie mais acometida	<i>Thalasseus acuflavidus</i>
Espécie doméstica mais acometida	<i>Gallus gallus</i>
Primeiros grupos acometidos	Aves aquáticas e marinhas

Entre as espécies domésticas, *Gallus gallus* apresentou o maior número de focos (Tabela 1). Ressalta-se que o aumento do número de focos ou de espécies acometidas não constitui, por si só, evidência de transmissão sustentada ou de persistência do vírus nessas populações, uma vez que as detecções podem resultar de eventos independentes de introdução, associados à exposição a fontes externas de infecção, especialmente aves silvestres infectadas ou ambientes por elas contaminados.

A ocorrência do vírus em hospedeiros pertencentes a diferentes nichos ecológicos e níveis tróficos evidencia múltiplas oportunidades de exposição ao agente, envolvendo mecanismos como compartilhamento de ambientes aquáticos, contato direto ou indireto com aves infectadas, exposição a ambientes contaminados, predação e consumo de carcaças. Dessa forma, embora a ocorrência tenha permanecido numericamente concentrada em aves aquáticas e marinhas, a diversificação taxonômica observada ao longo da emergência demonstra a capacidade do vírus de alcançar diferentes interfaces ecológicas.

CAPÍTULO 4

Vigilância genômica da influenza aviária no Brasil: resultados

4.1 Introdução

Desde a primeira detecção de IAAP no Brasil, em 2023, o sequenciamento dos vírus identificados em diferentes espécies de aves e regiões do país tem ampliado a compreensão sobre sua diversidade genética, relações filogenéticas e dinâmica de introdução e dispersão no território nacional.

A análise genômica, entretanto, deve ser interpretada de forma integrada às informações epidemiológicas. A similaridade genética entre vírus não demonstra, isoladamente, transmissão direta entre hospedeiros ou estabelecimentos, assim como a identificação de mutações ou marcadores moleculares não implica necessariamente alteração fenotípica ou adaptação a determinado hospedeiro. Nesse sentido, os dados genômicos constituem uma fonte adicional de evidência para a formulação e avaliação de hipóteses epidemiológicas.

Este capítulo apresenta os principais resultados da vigilância genômica dos vírus de IAAP A/H5N1 detectados no Brasil entre 2023 e 2026, incluindo os procedimentos de sequenciamento e caracterização genética, os genótipos identificados, as relações filogenéticas e a provável origem dos vírus, bem como a ocorrência de rearranjo e de marcadores moleculares de interesse. A integração desses resultados com os dados da vigilância epidemiológica contribui para a compreensão da dinâmica da IAAP no país e para o aprimoramento das estratégias de vigilância e avaliação de risco.

4.2 Sequenciamento dos vírus detectados

O sequenciamento genômico dos vírus de influenza aviária detectados no Brasil foi realizado no âmbito da vigilância oficial, a partir de amostras provenientes das investigações conduzidas pelo SVO. As amostras coletadas foram inicialmente encaminhadas ao LFDA-SP, que constitui o laboratório de referência da OMSA e centro de referência da FAO para influenza animal na região. A confirmação de amostras positivas para influenza A/H5 foi realizada por RT-qPCR, complementada por subtipagem e sequenciamento parcial pelo método de Sanger. As amostras selecionadas para sequenciamento genômico completo foram posteriormente

encaminhadas ao LFDA-MG, onde foi realizado o sequenciamento de nova geração (NGS) em plataforma Illumina MiSeq.

A seleção das amostras para NGS considerou critérios epidemiológicos e laboratoriais, buscando maximizar a representatividade das ocorrências no território nacional. Foram priorizadas amostras com Ct (*cycle threshold*) inferior a 25, indicativo de maior carga viral, bem como amostras representativas de diferentes espécies e regiões geográficas, permitindo ampliar a diversidade epidemiológica contemplada nas análises.

O sequenciamento foi realizado por tecnologia *sequencing-by-synthesis*, utilizando a plataforma Illumina MiSeq, após extração do RNA viral, síntese de cDNA e amplificação dos oito segmentos do genoma do vírus influenza A. O processo incluiu controles específicos para avaliação da eficiência da extração, preparação das bibliotecas e desempenho das corridas de sequenciamento. O bacteriófago MS2 foi empregado como controle do processo de extração, enquanto o PhiX foi incluído nas corridas para monitoramento do desempenho do sequenciamento.

O processamento bioinformático incluiu filtragem e *trimming* das leituras, avaliação de qualidade, remoção de contaminantes e sequências do hospedeiro, montagem de novo, inspeção dos genomas e anotação das sequências. Os parâmetros obtidos demonstraram elevada qualidade das sequências, com cobertura média superior a 1.000×, valores de Q30 superiores a 90% e proporção de leituras aprovadas (*passing filter*) superior a 85%.

Entre as 63 amostras provenientes de focos avaliados (Anexo 1), 50 (79,4%) apresentaram sequenciamento do genoma completo, enquanto 13 (20,6%) apresentaram sequenciamento parcial. Observa-se, portanto, elevada proporção de genomas completos entre as amostras analisadas, especialmente nos anos mais recentes, ampliando a capacidade de caracterização genômica dos vírus detectados.

4.3 Caracterização genética

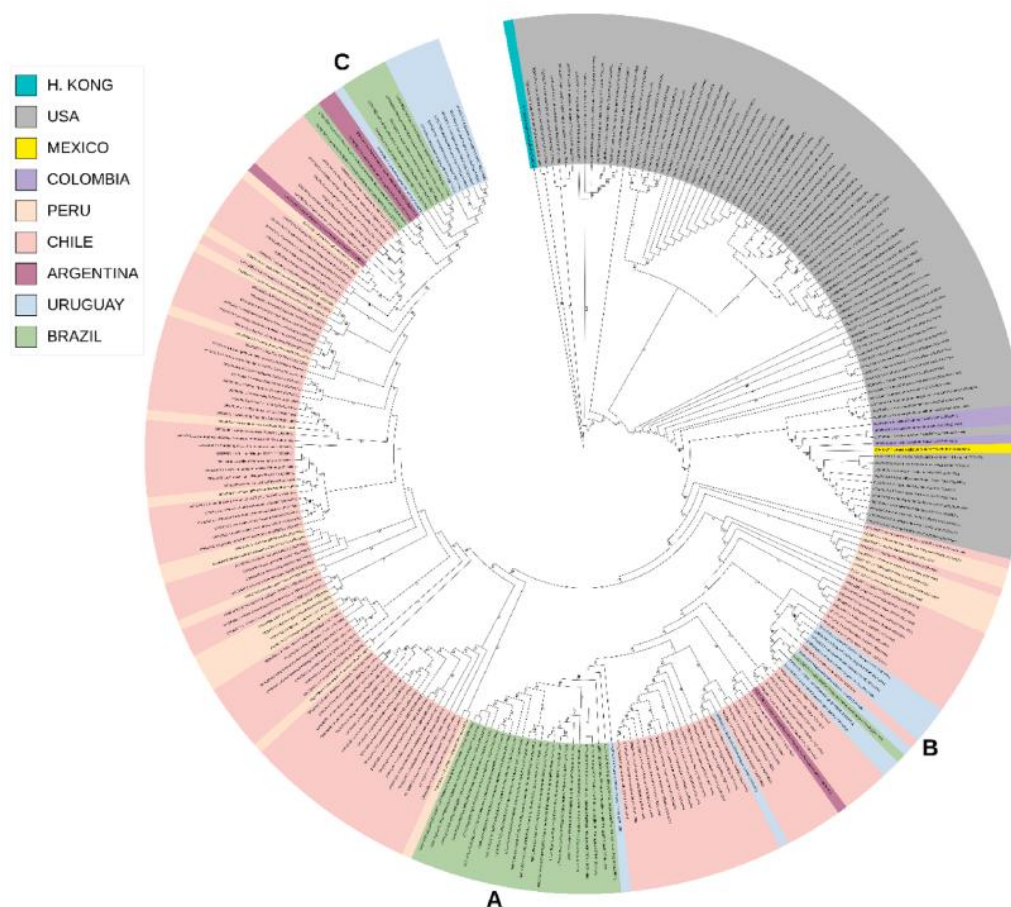
A caracterização genética dos vírus detectados confirmou a ocorrência do subtipo Influenza A/H5N1 de alta patogenicidade, pertencente ao clado 2.3.4.4b, linhagem responsável pela expansão recente da IAAP nas Américas. Para as amostras com sequenciamento de genoma completo, a análise contemplou os oito segmentos que compõem o genoma do vírus influenza A (PB2, PB1, PA, HA, NP, NA, M e NS), permitindo avaliar de forma integrada sua composição genética e as relações filogenéticas entre os vírus detectados.

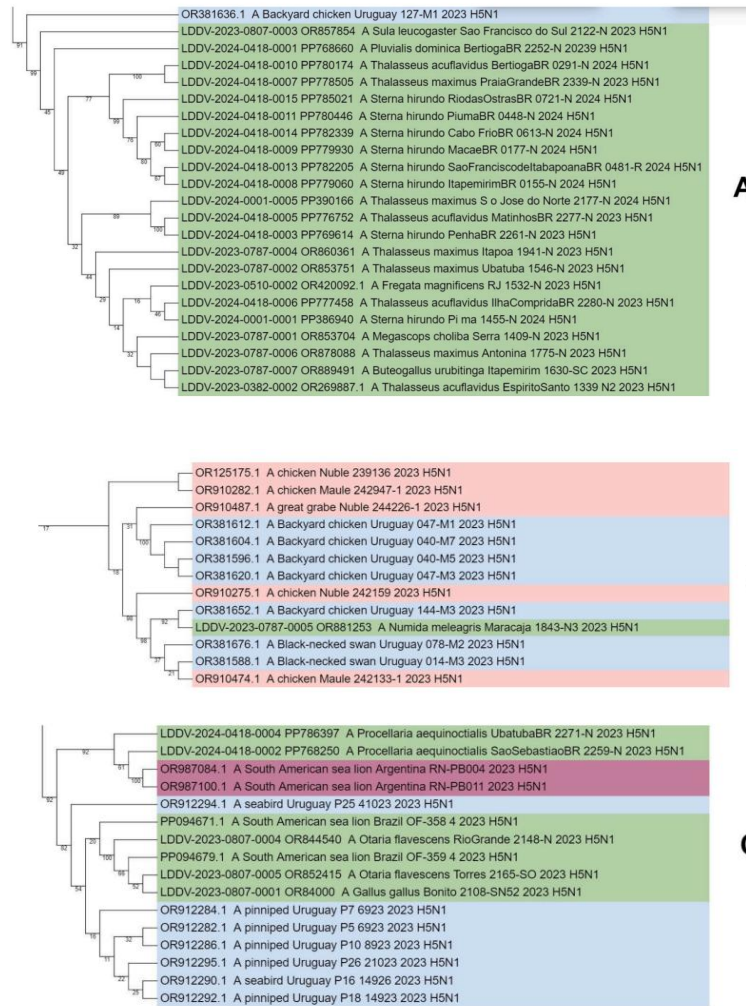
4.4 Origem provável dos vírus

As análises filogenéticas e filogeográficas realizadas a partir dos vírus de IAAP A/H5N1 detectados no Brasil indicam que a dinâmica de introdução viral no país não permaneceu uniforme ao longo do período analisado, havendo evidências de diferentes rotas de introdução entre 2023 e 2026.

Os vírus caracterizados no período de 2023–2024 pertenciam ao clado 2.3.4.4b e foram consistentemente classificados como genótipo B3.2, apresentando elevada similaridade genética com vírus previamente detectados no Chile, Uruguai e Argentina. A análise filogeográfica sugere uma dispersão a partir do Hemisfério Norte em direção à América do Sul, passando pela América Central e região dos Andes, com posterior dispersão para o sul do Brasil e outras regiões do país. Verificou-se esse padrão principalmente à rota migratória do Pacífico, considerando também a conectividade entre populações de aves associadas às rotas do Pacífico e do Atlântico por movimentos intrarregionais.

Figura 7. Análise filogenética dos vírus da influenza aviária de alta patogenicidade detectados no Brasil em 2023 e 2024





Legenda: A filogenia das sequências de hemaglutinina H5 foi reconstruída pelo método de máxima verossimilhança, utilizando o IQ-TREE multicore v.1.6.12. As sequências foram alinhadas pelo programa MAFFT no software Geneious Prime® 2024.0.3, e a árvore filogenética foi gerada no mesmo software e editada utilizando a ferramenta iTOL. O modelo evolutivo de melhor ajuste foi selecionado com base no Critério de Informação Bayesiano (BIC), e a robustez da topologia da árvore foi avaliada por 1.000 réplicas de *bootstrap*. A cor verde indica o agrupamento das sequências brasileiras, incluindo as sequências deste estudo, identificadas pela sigla “LDDV”. Vírus não pertencentes à linhagem *goose/Guangdong*, provenientes da Eurásia, foram utilizados como grupo externo (*outgroup*). Os agrupamentos destacados em **A**, **B** e **C** compartilham ancestral comum mais recente com linhagens virais identificadas no Chile, Uruguai e Argentina entre 2022 e 2024, com valores de suporte de *bootstrap* entre 82% e 92%, sustentando maior proximidade filogenética com sequências da América do Sul.

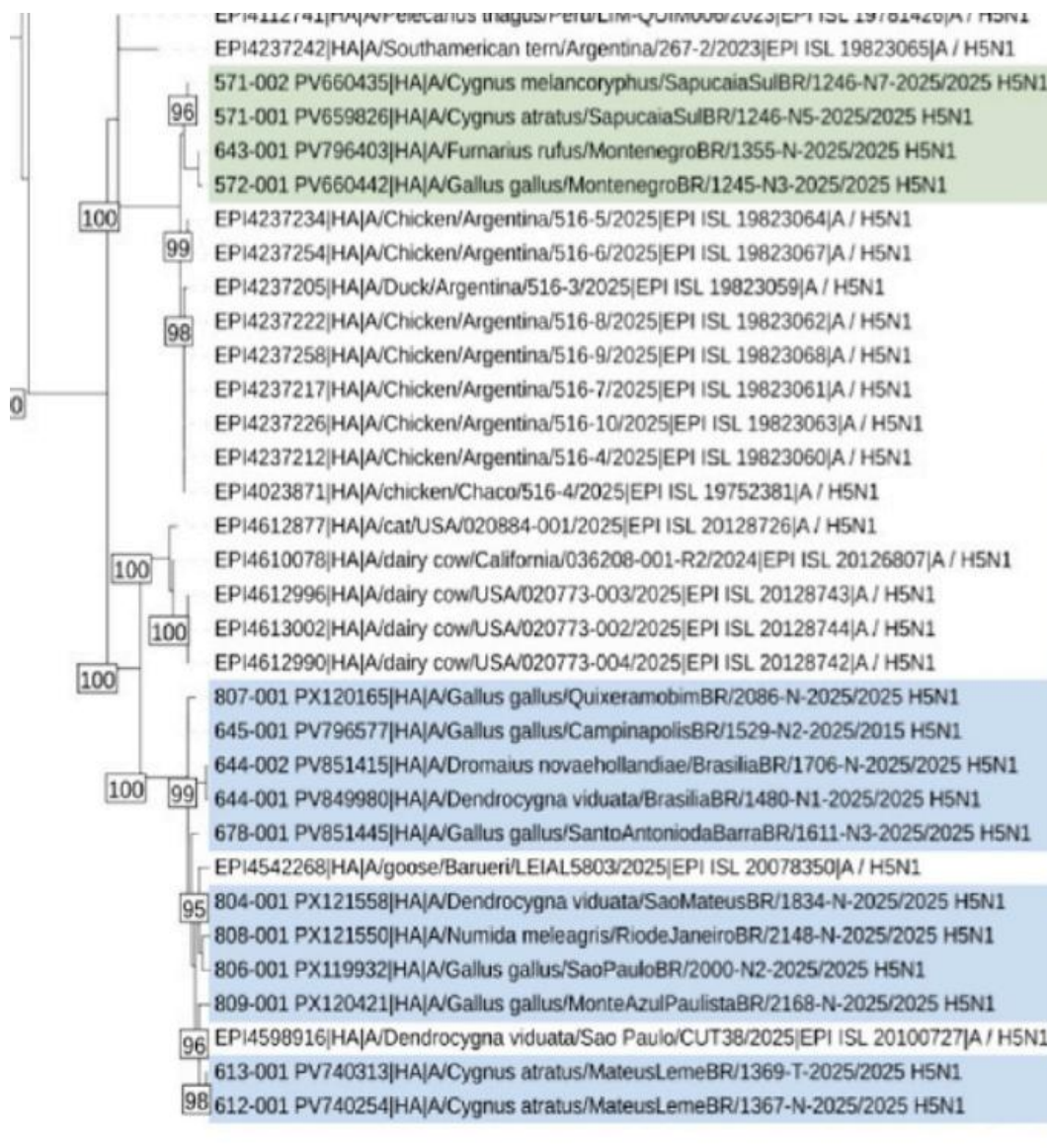
A elevada proximidade filogenética entre as sequências brasileiras e aquelas provenientes de outros países sul-americanos reforça, portanto, a hipótese de que as primeiras detecções no Brasil fizeram parte do processo de dispersão regional do H5N1 que já ocorria no continente, mediado principalmente pelos movimentos de aves silvestres.

A partir de 2025, entretanto, observa-se uma mudança importante nesse padrão. Diferentemente da relativa homogeneidade genética observada em 2023–2024, as sequências brasileiras analisadas em 2025 distribuíram-se em dois agrupamentos filogenéticos distintos, indicando a ocorrência de múltiplas introduções virais.

O primeiro agrupamento incluiu vírus detectados no Rio Grande do Sul, tanto no estabelecimento de aves de produção em Montenegro quanto em aves silvestres de Sapucaia do Sul. Esses vírus apresentaram elevada identidade com vírus detectados na Argentina e Bolívia em 2025, sustentando a hipótese de conectividade epidemiológica regional no Cone Sul, possivelmente mediada por aves migratórias.

O segundo agrupamento reuniu vírus detectados nas regiões Nordeste, Centro-Oeste e Sudeste do Brasil, que apresentaram maior proximidade filogenética com vírus da América do Norte. Conforme já descrito em RIVETTI JUNIOR et al., 2025, esse agrupamento é compatível com uma introdução independente, não relacionada aos eventos identificados no sul do país, reforçando a existência de mais de uma via de entrada e dispersão do H5N1 no território brasileiro.

Figura 8. Análise filogenética dos vírus da influenza aviária de alta patogenicidade detectados no Brasil em 2025



Legenda: A árvore filogenética foi construída pelo método de máxima verossimilhança, utilizando o IQ-TREE e o modelo de substituição nucleotídica K3Pu + F + G4, e editada no iTOL. As sequências brasileiras de 2025 e suas respectivas localizações (B) estão destacadas em **verde**, para o clado filogeneticamente relacionado às sequências da Argentina, e em **azul**, para o clado relacionado às sequências provenientes de bovinos leiteiros dos Estados Unidos.

Além disso, a análise dos oito segmentos genômicos revelou, em 2025, eventos de rearranjo genômico, com segmentos relacionados a linhagens da América do Sul, América do Norte e Eurásia. No Rio Grande do Sul, foi identificado padrão semelhante ao descrito na Argentina em 2025, enquanto outro conjunto de vírus apresentou segmentos geneticamente relacionados a vírus norte-americanos e colombianos. Esses achados demonstram que a dinâmica observada a partir de 2025 envolve não apenas

diferentes introduções, mas também maior complexidade na composição genômica dos vírus circulantes nas Américas.

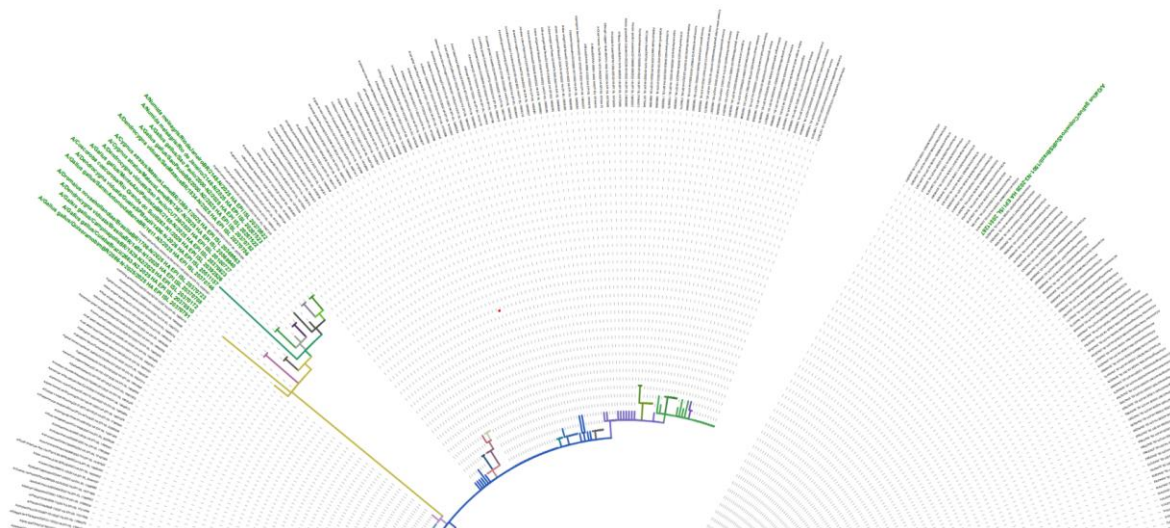
As análises das amostras de 2026 evidenciaram a continuidade da diversidade genética dos vírus A(H5N1) detectados no Brasil e indicaram relações filogenéticas distintas entre os eventos analisados, compatíveis com diferentes conexões com vírus circulantes nas Américas.

A título de exemplo, o vírus detectado em Coqueiros do Sul/RS, em galinha de subsistência (*Gallus gallus*), apresentou maior proximidade filogenética com vírus previamente identificados em galinhas no Chile e em ganso (*goose*) na Argentina. Esse agrupamento sugere uma relação com vírus circulantes no Cone Sul e é compatível com a conectividade regional já observada entre os vírus de IAAP identificados nos países do sul da América do Sul.

Por outro lado, o vírus detectado em Guaíba/SP, em irerê (*Dendrocygna viduata*), apresentou maior proximidade filogenética com o vírus identificado em Santa Vitória do Palmar/RS, em capororoca. Este último, por sua vez, apresentou maior similaridade com vírus identificado em ganso-do-canadá (*cackling goose*) no Colorado, Estados Unidos (FIGURA 8). Esse padrão sugere uma conexão filogenética distinta daquela observada para amostra de Coqueiros do Sul e aponta para a possível participação de vírus relacionados a linhagens circulantes na América do Norte.

A análise dos oito segmentos genômicos complementa esses achados, demonstrando nas amostras de Guaíba/SP e Coqueiros do Sul/RS constelações genômicas compatíveis com rearranjo genético. Em ambas, os segmentos HA, NA, PA e MP apresentaram maior proximidade com a linhagem euroasiática, enquanto PB2, PB1, NP e NS se relacionaram a linhagens de aves silvestres americanas. Apesar dessa composição semelhante, suas diferentes relações filogenéticas reforçam a necessidade de avaliar individualmente os segmentos e não apenas a classificação genotípica global dos vírus.

Figura 9. Análise filogenética dos vírus da influenza aviária de alta patogenicidade detectados no Brasil em parte das amostras de 2025 e 2026



Legenda: Árvore filogenética circular das sequências brasileiras estão destacadas em verde na extremidade dos ramos, com cores internas indicando diferentes clados e linhagens evolutivas. Evidenciando-se dois padrões distintos pela separação de clados.

Em conjunto, os achados de 2026 sugerem, ainda que a quantidade de sequências analisadas não possa ainda trazer uma certeza, de que ocorrência de pelo menos dois padrões filogenéticos entre os vírus analisados: um relacionado a vírus previamente detectados no Cone Sul, representado pela amostra de Coqueiros do Sul/RS, e outro relacionado à sequência de Santa Vitória do Palmar/RS e, mais distantemente, a vírus da América do Norte, representado pela amostra de Guaíra/SP. Esses resultados são compatíveis com a continuidade de diferentes vias de introdução e dispersão viral no continente, potencialmente associadas à conectividade entre populações de aves silvestres. Ressalta-se que os dados disponíveis até o momento não são conclusivos quanto às rotas e origens dos vírus, os resultados apresentados devem ser interpretados como um panorama baseado nas informações atualmente disponíveis.

4.5 Genótipos identificados

A análise das sequências obtidas ao longo do período indica mudanças no perfil genômico dos vírus de influenza aviária detectados no Brasil. Na fase inicial das detecções, observou-se predominância do genótipo B3.2, identificado em diferentes espécies e regiões geográficas durante 2023 e ainda em amostras coletadas no primeiro semestre de 2024. Esse padrão demonstra ampla distribuição desse genótipo no período inicial de detecções do vírus no país. Após 2024, entretanto, não foram

registradas novas identificações do genótipo B3.2 entre as sequências apresentadas, sugerindo uma mudança no perfil dos vírus detectados no território nacional.

A partir de 2025, foram identificados novos genótipos, incluindo K.8 e N.1 (ANEXO). O genótipo K.8 foi identificado em amostra de cisne-negro no Rio Grande do Sul, enquanto o N.1 foi detectado em amostras provenientes do Distrito Federal, Minas Gerais e Mato Grosso, envolvendo diferentes espécies. Esses achados demonstram a ocorrência de vírus geneticamente distintos daqueles predominantes na fase inicial das detecções.

Além dos três genótipos já identificados (B3.2, K.8 e N.1), permanecem amostras com genoma completo sem classificação de genótipo informada na base, incluindo registros de 2025 e 2026. Dessa forma, a interpretação da diversidade genômica observada no período ainda poderá ser ampliada à medida que essas sequências sejam classificadas e incorporadas às análises filogenéticas.

Em conjunto, os resultados demonstram uma mudança temporal na composição genética dos vírus detectados no Brasil, caracterizada pela predominância inicial do genótipo B3.2 nos primeiros anos da emergência sanitária. Posteriormente, observou-se maior diversidade de genótipos, com a identificação de K.8 e N.1, além de vírus ainda não classificados quanto ao genótipo. Esse cenário evidencia uma dinâmica genômica mais diversificada ao longo do tempo, potencialmente relacionada a novos eventos de introdução e à circulação de diferentes variantes virais na América do Sul, reforçando a importância da vigilância genômica contínua para o acompanhamento dessas mudanças.

4.6 Mutações genéticas e marcadores de adaptação

As mutações PB1-F2 N66S e PA N383D permanecem em todas as sequências analisadas ao longo de todo o período histórico monitorado no país (48 genomas totais).

Na análise do perfil genético do vírus em 2026, foram identificadas alterações adicionais em três proteínas: na HA (que afeta a capacidade de ligação às células do hospedeiro), na NS1 (ligada à resposta do sistema imune) e na M1 (associada à patogenicidade do vírus). Por outro lado, o vírus continua sem as mutações clássicas de adaptação a mamíferos (como PB2 Q591K e D701N), que caracterizaram o grupo de casos em 2023."

Tabela 4. Frequência e distribuição temporal de mutações e marcadores moleculares de interesse identificados nos vírus de Influenza aviária de alta patogenicidade A(H5N1) no Brasil, 2023–2026

Gene / Segmento	Proteína	Mutação / Marcador	2023 (n=21)	2024 (n=7)	2025 (n=16)	2026 (n=4)	Breve Relato do Efeito / Impacto Biológico
PB2	PB2	Q591K	5 (23,8%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	Confere replicação viral eficiente em células de mamíferos.
PB2	PB2	D701N	5 (23,8%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	Potencializa o transporte nuclear e transmissão entre mamíferos (marcador zoonótico chave).
PB2	PB2	K389R / V598T	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	4 (100%)	Incremento na atividade da polimerase e replicação em células de mamíferos/camundongos.
PB2	PB2	E627K	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	Marcador clássico de adaptação a mamíferos (ausente em todas as amostras brasileiras; PB2 627E conservado).
PB1	PB1-F2	N66S	21 (100%)	7 (100%)	16 (100%)	4 (100%)	Associada a maior virulência e inibição da resposta imune inata em mamíferos.
PB1	PB1	D3V / D622G	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	4 (100%)	Aumenta a atividade da polimerase e eficiência replicativa em células aviárias e de mamíferos.
PA	PA	N383D (383D)	21 (100%)	7 (100%)	16 (100%)	4 (100%)	Conservada em linhagens aviárias; mantém alta eficiência da polimerase viral em aves e mamíferos.
PA	PA	M86I	5 (23,8%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	Marcador de adaptação a mamíferos associado a maior virulência (presente no cluster de 2023).
PA	PA	S37A / N409S	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	4 (100%)	Aumento na atividade da RNA polimerase e cinética replicativa.
HA	HA1 / HA2	S107R + T108I	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	4 (100%)	Elevação do pH de fusão e aumento da virulência em modelos animais.
HA	HA1 / HA2	S133A / S154N / T156A	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	4 (100%)	Aumento na afinidade de ligação a receptores do tipo humano/mamífero (alfa2,6-sialil).
HA	HA1 / HA2	K218Q + S223R	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	4 (100%)	Modulação da afinidade ligante dual (alfa2,3 e alfa2,6).
HA	HA1 / HA2	K64E (HA2)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	4 (100%)	Estabilidade da hemaglutinina e modulação do limiar de fusão de membrana.
NP	NP	A184K / K198R	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	4 (100%)	Modulação da resposta ao interferon e atividade do complexo ribonucleoproteico (RNP).
NA	NA	Polimorfismos pontuais	—	—	—	Presentes	Variações estruturais secundárias sem impacto na atividade catalítica.
MP	M1	N30D / I43M / T215A	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	4 (100%)	Marcadores moleculares associados ao aumento da patogenicidade e virulência em aves e camundongos.
NS	NS1	D26K	5 (23,8%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	Adaptação a mamíferos e evasão imune (cluster de 2023).
NS	NS1	P42S / I106M / C138F / V149A	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)	4 (100%)	Supressão da resposta imune inata por atenuação do interferon (IFN) e facilitação da replicação celular.

Tabela 5. Marcadores moleculares de resistência a antivirais identificados nos vírus de IAAP A(H5N1) analisados no Brasil, 2023–2026.

Classe Antiviral	Fármaco Avaliado	Marcadores Principais Pesquisados	2023 (n=21)	2024 (n=7)	2025 (n=16)	2026 (n=4)	Perfil de Sensibilidade Consolidado
Inibidores de Neuraminidase (NAIs)	Oseltamivir	NA H275Y, N295S, I223V	0% mutado	0% mutado	0% mutado	0% mutado (Sensível)	100% Sensível (sem resistência detectada em nenhum ano).
		V203M	0% mutado	0% mutado	0% mutado	1 (25%)	Inibição reduzida para Oseltamivir
Inibidores de Neuraminidase (NAIs)	Zanamivir	NA E119V, T438I, R292K	0% mutado	0% mutado	0% mutado	0% mutado (Sensível)	100% Sensível.
Inibidores de Neuraminidase (NAIs)	Peramivir	NA H275Y, T438I	0% mutado	0% mutado	0% mutado	0% mutado (Sensível)	100% Sensível.
Inibidor de Endonuclease (PA)	Baloxavir Marboxil	PA I38T/F/M, E23G/K, E199G	0% mutado	0% mutado	0% mutado	0% mutado (Sensível)	100% Sensível (ausência de mutações no sítio ativo da polimerase PA).
Adamantanos	Amantadina / Rimantadina	M2 S31N, V27A, L26F	0% mutado	0% mutado	0% mutado	0% mutado (V27I/S31S)	Sensível (ausência de mutações clássicas de bloqueio do canal M2).

Além das diferenças relacionadas aos genótipos e à origem dos segmentos genômicos, a análise das sequências dos vírus A/H5N1 detectados no Brasil identificou substituições de aminoácidos em proteínas virais de interesse para a avaliação da adaptação a diferentes hospedeiros, transmissibilidade e potencial zoonótico.

Nas amostras analisadas entre 2023 e 2024, foram identificadas mutações na proteína de superfície do vírus (hemaglutinina - HA), com alterações nas suas duas principais regiões (HA1 e HA2) e um total de 12 alterações genéticas pontuais relevantes (SNPs)."

Por outro lado, foram identificadas nas amostras brasileiras as substituições PB2-D701N e PB2-Q591K, ambas descritas na literatura como marcadores associados à maior eficiência de replicação e/ou adaptação do vírus influenza A em hospedeiros mamíferos. Essas alterações ocorreram em cinco das amostras avaliadas e também estavam presentes em vírus filogeneticamente relacionados detectados na Argentina, Uruguai e Chile.

A presença desses marcadores merece atenção sob a perspectiva de saúde pública, mas não deve ser interpretada isoladamente como evidência de adaptação do vírus aos mamíferos ou de aumento da transmissão entre esses hospedeiros.

Também foram identificados marcadores relacionados à resistência aos antivirais inibidores da neuraminidase. Não foram detectadas nas amostras brasileiras as substituições NA-N295S, NA-H275Y e NA-T438I, previamente associadas à redução de suscetibilidade ou resistência a oseltamivir, zanamivir e/ou peramivir. Da mesma forma, as proteínas M1 e M2 não apresentaram, no conjunto analisado, marcadores associados à adaptação a mamíferos.

Assim, os resultados disponíveis demonstram que o monitoramento genômico deve considerar conjuntamente mutações pontuais, marcadores moleculares de adaptação e resistência antiviral, além de eventos de rearranjo genético. Embora tenham sido identificadas substituições de interesse, particularmente em PB2, os dados não demonstram, por si só, adaptação sustentada do H5N1 aos mamíferos no Brasil, reforçando a necessidade de acompanhamento contínuo desses marcadores ao longo da vigilância genômica.

CAPÍTULO 5

Integração entre dados epidemiológicos e genômicos

5.1 Introdução

No Brasil, a incorporação da vigilância genômica às investigações epidemiológicas permitiu aprofundar a interpretação dos eventos observados durante a emergência da IAAP, fornecendo evidências adicionais sobre possíveis introduções independentes, eventos de dispersão, mudanças na composição genética dos vírus e potenciais interfaces ecológicas envolvidas na circulação viral.

Entretanto, é importante reconhecer que a interpretação desses dados apresenta limitações inerentes à natureza dinâmica da epidemiologia da IAAP. A circulação viral em múltiplos hospedeiros, a ocorrência contínua de novas introduções, a evolução genética dos vírus e as lacunas amostrais fazem com que as evidências disponíveis permitam formular hipóteses epidemiológicas cada vez mais robustas, mas nem sempre conclusões definitivas. Nesse contexto, a geração contínua de dados epidemiológicos, laboratoriais e genômicos, associada ao seu monitoramento ao longo do tempo, é fundamental para aprimorar progressivamente o conhecimento sobre a dinâmica da doença.

Nos tópicos seguintes são discutidas as principais contribuições da integração entre dados epidemiológicos e genômicos para a interpretação da emergência da IAAP no Brasil. Os resultados apresentados devem ser compreendidos como evidências complementares que fortalecem as hipóteses epidemiológicas e reduzem incertezas, contribuindo para o aprimoramento contínuo da vigilância e da avaliação de risco, sem pretender estabelecer conclusões definitivas sobre todos os mecanismos envolvidos na introdução e dispersão do vírus.

5.2 Estrutura da integração dos dados

Cada foco de IAAP gera diferentes conjuntos de informações que, quando analisados conjuntamente, possibilitam uma interpretação mais abrangente do evento.

Do ponto de vista epidemiológico, são considerados, entre outros elementos, a localização geográfica, a data de ocorrência, a espécie acometida, a cronologia do

evento, os vínculos epidemiológicos, as movimentações de animais, produtos, pessoas e veículos, os fatores de risco identificados e as características ambientais.

Do ponto de vista laboratorial e genômico, são consideradas a confirmação diagnóstica, a sequência genômica, a classificação do subtipo e do clado, o genótipo viral, a posição filogenética, as relações genéticas com vírus previamente identificados e a presença de alterações genéticas de interesse epidemiológico.

A interpretação integrada deve incorporar ainda informações ecológicas e espaciais, como rotas migratórias, distribuição de espécies silvestres, ambientes aquáticos, densidade avícola, localização de estabelecimentos suscetíveis e conectividade entre unidades produtivas.

A contribuição relativa de cada fonte de informação varia de acordo com a pergunta epidemiológica a ser investigada. Enquanto algumas questões podem ser esclarecidas predominantemente pelos dados epidemiológicos ou genômicos, outras dependem da análise conjunta de múltiplas evidências para aumentar a confiança da interpretação.

O Quadro 2 sintetiza a contribuição da epidemiologia, da genômica e da integração dessas evidências para responder às principais questões relacionadas à origem, disseminação e evolução dos focos de IAAP.

Quadro 2 – Contribuição dos dados epidemiológicos e genômicos para a interpretação dos focos de IAAP

Pergunta epidemiológica	Epidemiologia	Genômica	Integração das evidências
Onde ocorreu o foco?	Alta	Baixa	Alta
Quando ocorreu?	Alta	Baixa	Alta
Quais espécies animais foram envolvidas?	Alta	Baixa	Alta
Qual a provável origem do vírus?	Moderada	Alta	Muito alta
Trata-se de introdução independente?	Moderada	Alta	Muito alta
Dois focos podem estar relacionados?	Moderada	Alta	Muito alta
Houve disseminação lateral?	Moderada	Moderada	Maior confiança
Houve persistência local do vírus?	Moderada	Alta	Maior confiança
Houve mudança do genótipo viral?	Baixa	Alta	Alta
Houve rearranjo genético?	Baixa	Alta	Alta
Quais vias de disseminação são mais plausíveis?	Alta	Moderada	Muito alta

5.3 Origem e eventos de introdução

Os primeiros focos registrados no País, em 2023 e 2024, apresentaram forte associação temporal, espacial e ecológica com aves silvestres, particularmente espécies migratórias e ambientes costeiros, configurando padrão compatível com a dispersão do H5N1 do clado 2.3.4.4b observada nas Américas. As análises genômicas corroboraram esse padrão epidemiológico, ao evidenciarem elevada homogeneidade genética entre os vírus caracterizados nesse período, com predominância de um mesmo genótipo entre as amostras provenientes dos diferentes focos analisados.

Os vírus identificados em 2025 passaram a apresentar maior diversidade genômica. As análises demonstraram a segregação dos vírus brasileiros em dois clados principais: um geneticamente relacionado aos vírus detectados na Argentina em 2025, compatível com a disseminação regional de novos vírus com rearranjo genético na América do Sul, e outro agrupado com vírus da América do Norte.

Além disso, a identificação de vírus geneticamente relacionados a linhagens previamente detectadas em outras regiões, associada à ausência de vínculos epidemiológicos entre determinados focos, é compatível com **a ocorrência de eventos independentes de introdução no Brasil**, possivelmente associados à circulação e à movimentação de aves silvestres infectadas.

5.4 Dispersão do vírus e interfaces ecológicas

Após os múltiplos eventos iniciais de introdução do vírus no território nacional, a compreensão de sua dinâmica de dispersão passa a envolver não apenas o deslocamento de aves migratórias e a localização dos focos, mas também a conectividade ecológica entre diferentes populações de aves e os ambientes por elas compartilhados.

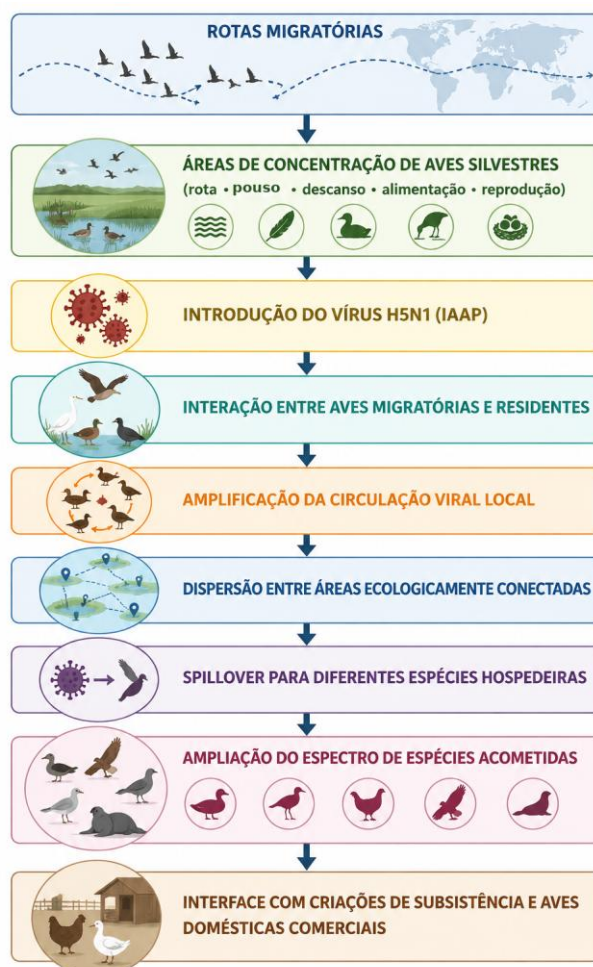
Nesse contexto, as informações apresentadas no *Relatório de Áreas de Concentração de Aves Migratórias no Brasil – 4ª edição*, elaborado pelo Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Aves Silvestres (CEMAVE), constituem importante subsídio para a interpretação da dinâmica espacial da IAAP no Brasil. O relatório identifica as principais rotas migratórias e mapeia áreas regularmente utilizadas para pouso, descanso, alimentação e reprodução por aves migratórias ao longo da costa e em regiões continentais do País. Esses ambientes integram uma rede de áreas ecologicamente conectadas, nas quais pode ocorrer sobreposição espacial e temporal entre aves migratórias e aves silvestres residentes.

A literatura internacional demonstra que áreas de agregação de aves podem constituir áreas de elevada relevância ecológica para os vírus da influenza aviária. A concentração de diferentes espécies e o compartilhamento de ambientes aquáticos e terrestres aumentam as oportunidades de exposição e transmissão entre hospedeiros. Dessa forma, a dispersão viral pode envolver não apenas movimentos de longa distância associados às rotas migratórias, mas também movimentos regionais e locais e sucessivos eventos com transmissão entre diferentes populações de aves que utilizam ambientes ecologicamente conectados.

Esse mecanismo é compatível com os padrões epidemiológicos observados no Brasil. Em conjunto, os achados sugerem que, após eventos independentes de introdução viral, a dispersão regional da IAAP pode ter sido influenciada pela interação entre aves migratórias e residentes e pela conectividade ecológica entre as áreas utilizadas por essas populações. A sobreposição espacial e temporal de diferentes espécies em áreas de alimentação, descanso, reprodução e agregação pode favorecer a transmissão interespecífica e a exposição de espécies com diferentes graus de suscetibilidade e participação na dinâmica de manutenção e dispersão do vírus. Entretanto, a ocorrência de focos nessas espécies que não são reservatórios naturais do vírus não constitui, por si só, evidência de manutenção, persistência viral ou transmissão sustentada nessas populações.

Essa dinâmica também pode ampliar as interfaces entre aves silvestres e domésticas. O risco tende a ser particularmente relevante em criações de subsistência, sistemas de pequena escala e outros estabelecimentos com menor nível de biossegurança, nos quais o acesso das aves domésticas ao ambiente externo, a proximidade de áreas de concentração de aves silvestres e o compartilhamento de água, alimento ou outros recursos ambientais podem aumentar as oportunidades de exposição e favorecer a transmissão do vírus de aves silvestres para aves domésticas.

Figura 9: Dinâmica de introdução e dispersão do vírus da influenza aviária



5.5 Relação entre diversidade genômica e comportamento epidemiológico

Outro ganho importante da vigilância genômica integrada é a possibilidade de acompanhar alterações na composição genética dos vírus ao longo do tempo.

Os vírus da influenza possuem genoma segmentado, o que permite a ocorrência de rearranjos quando diferentes vírus infectam simultaneamente um mesmo hospedeiro. Dessa forma, vírus pertencentes ao mesmo clado podem apresentar diferentes combinações de segmentos genômicos e constituir genótipos distintos.

A identificação de diferentes genótipos e eventos de rearranjo genético ao longo da emergência sanitária no Brasil demonstra que os vírus H5N1 do clado 2.3.4.4b permaneceram em contínua evolução genética durante sua circulação nas Américas. Entretanto, até o momento, não há evidências de que as mudanças genotípicas identificadas no Brasil tenham sido acompanhadas por alterações consistentes no comportamento epidemiológico ou fenotípico dos vírus, como mudanças no espectro

de espécies acometidas, na apresentação clínica, na patogenicidade ou na capacidade de transmissão entre aves domésticas.

A literatura internacional indica que a ampliação do número de espécies afetadas observada durante a atual panzootia está relacionada principalmente à elevada pressão de infecção ambiental, à expansão da circulação viral em aves silvestres e ao aumento das interfaces ecológicas entre diferentes hospedeiros, mais do que à emergência de um genótipo específico. Da mesma forma, mutações associadas à adaptação a mamíferos têm sido descritas principalmente após eventos de *spillover* para essas espécies, não constituindo evidência de alteração fenotípica generalizada dos vírus circulantes em aves. Assim, a interpretação epidemiológica das mudanças genômicas deve considerar conjuntamente as evidências filogenéticas, epidemiológicas, ecológicas e, quando disponíveis, estudos fenotípicos, evitando inferir alterações biológicas apenas com base na identificação de novos genótipos.

5.6 Redução das incertezas

A investigação epidemiológica de focos de IAAP frequentemente envolve múltiplas hipóteses plausíveis de introdução ou disseminação. Em determinadas situações, informações de movimentação, proximidade geográfica ou exposição a aves silvestres podem não ser suficientes para distinguir entre hipóteses concorrentes.

A incorporação de dados genômicos permite acrescentar uma nova camada de evidência à investigação. Quando os resultados genômicos são concordantes com a cronologia, a localização e os vínculos epidemiológicos, aumenta a confiança na hipótese formulada. Quando são discordantes, podem indicar a necessidade de revisão da investigação ou de considerar hipóteses alternativas.

A redução da incerteza, entretanto, não significa sua eliminação. A ausência de sequências de determinados hospedeiros ou períodos, diferenças na intensidade da vigilância e limitações na representatividade das amostras podem impedir a reconstrução completa das cadeias de transmissão.

CAPÍTULO 6

Aplicações e perspectivas da integração entre vigilância epidemiológica e genômica para o fortalecimento do serviço veterinário oficial

6.1 Introdução

Mais do que ampliar o conhecimento sobre os eventos ocorridos, a análise integrada das informações epidemiológicas e genômicas oferece novas possibilidades de aplicação na vigilância oficial, especialmente na investigação epidemiológica, na identificação de possíveis vias de introdução e dispersão viral, na avaliação de risco e na definição de populações e áreas prioritárias para vigilância.

A associação desses dados às informações laboratoriais, espaciais e ecológicas permite construir uma visão mais abrangente da dinâmica da IAAP e transformar os resultados produzidos pela vigilância em informações aplicáveis ao planejamento e à tomada de decisão pelo SVO. Ao mesmo tempo, possibilita identificar lacunas de conhecimento e novas oportunidades para o aprimoramento das estratégias de prevenção, detecção precoce e resposta.

Este capítulo discute as contribuições observadas e potenciais da integração entre dados epidemiológicos e genômicos para a compreensão da dinâmica da IAAP no Brasil, bem como suas possibilidades de aplicação para aprimoramento das estratégias adotadas pelo SVO.

6.2 Integração de evidências e aprimoramento da vigilância

Os conhecimentos produzidos pela vigilância epidemiológica e genômica da IAAP foram progressivamente incorporados à atuação do SVO, permitindo ajustar estratégias, ampliar populações e interfaces consideradas na vigilância e aperfeiçoar a identificação e priorização de situações de maior risco. A integração desses achados com informações sobre a distribuição de aves silvestres e domésticas, rotas migratórias, movimentação animal e fatores ambientais possibilitou transformar dados provenientes de diferentes fontes em conhecimento aplicado às ações de prevenção, investigação, vigilância e resposta.

Essa abordagem se insere no conceito de inteligência epidemiológica, que envolve a coleta, integração, análise e interpretação sistemática de informações provenientes de diferentes fontes para identificar e avaliar riscos sanitários e subsidiar a tomada de decisão pelo SVO. No contexto da emergência de IAAP no Brasil, sua aplicação resultou em adaptações concretas das estratégias de vigilância à medida que novas evidências epidemiológicas, genômicas e ecológicas se tornaram disponíveis.

Uma dessas aplicações foi o aprimoramento da vigilância baseada em risco. A incorporação de informações sobre áreas de concentração de aves silvestres, rotas migratórias, distribuição espacial dos focos e resultados das investigações epidemiológicas permitiu aprimorar as avaliações de risco, identificar regiões com maior probabilidade de introdução viral e aperfeiçoar a priorização de municípios e áreas para intensificação das ações de vigilância e biossegurança.

A evolução da emergência também demonstrou a necessidade de adaptação contínua da vigilância às mudanças no perfil epidemiológico da doença. Inicialmente, a vigilância passiva em aves silvestres concentrava-se principalmente em espécies das ordens Anseriformes e Charadriiformes, reconhecidas internacionalmente como importantes reservatórios dos vírus influenza aviária. Entretanto, ao longo da emergência, a detecção da infecção em espécies pertencentes a diferentes ordens taxonômicas, incluindo aves silvestres residentes, evidenciou a ampliação do espectro de hospedeiros. Algumas dessas espécies podem potencialmente atuar como hospedeiros-ponte, favorecendo a interface entre aves migratórias infectadas e outras populações de aves silvestres, periurbanas e domésticas. Diante desse cenário, a vigilância passiva foi ampliada, passando a considerar aves silvestres de diferentes espécies como população-alvo, desde que atendidos os critérios de caso suspeito estabelecidos pelo SVO, aumentando a capacidade do sistema de detectar mudanças no perfil epidemiológico da IAAP.

A ampliação do espectro de hospedeiros observada ao longo da emergência não se restringiu às espécies aviárias. A ocorrência de infecções por vírus H5N1 em diferentes espécies de mamíferos domésticos e silvestres em outros países evidenciou a possibilidade de eventos de spillover e a necessidade de ampliar a atenção para espécies não aviárias potencialmente expostas. Diante dessa evolução do cenário epidemiológico, a estratégia de vigilância no Brasil também foi progressivamente adaptada para contemplar essas interfaces, especialmente em situações de focos de IAAP em aves domésticas. Nesses eventos, passou-se a considerar a avaliação de risco para mamíferos domésticos (bovinos e suínos) presentes na unidade epidemiológica afetada, particularmente quando houvesse possibilidade de contato direto ou indireto com aves infectadas ou materiais potencialmente contaminados. Conforme o risco identificado, a investigação pode incluir a coleta de amostras contribuindo para a

detecção de possíveis eventos de transmissão entre espécies e para o acompanhamento de mudanças no espectro de hospedeiros do vírus.

A vigilância genômica acrescentou outra dimensão a essa interpretação, passando a ser incorporada de forma sistemática às investigações e à avaliação do cenário epidemiológico. Sua integração aos dados epidemiológicos tem contribuído para avaliar as relações entre os focos, investigar possíveis vias de introdução e dispersão viral e identificar mudanças no perfil dos vírus detectados no país.

Dessa forma, a integração de informações epidemiológicas, genômicas e ecológicas tem permitido incorporar novos achados à vigilância oficial e ajustar progressivamente suas estratégias às mudanças observadas no perfil epidemiológico da IAAP, contribuindo para a definição de prioridades e o aprimoramento da vigilância baseada em risco

6.3 Perspectivas

A rápida evolução da IAAP e a crescente diversidade e volume de informações produzidas pela vigilância reforçam a necessidade de evolução contínua da capacidade do SVO para integrar, processar e analisar dados de diferentes fontes. Nesse contexto, uma perspectiva estratégica para o Brasil é avançar na incorporação de sistemas de inteligência epidemiológica voltados à integração e análise de dados, capazes de reunir, de forma sistemática e oportuna, informações epidemiológicas, laboratoriais, genômicas, ecológicas, ambientais e produtivas.

Esse processo deve contemplar tanto o nível central, fortalecendo a capacidade nacional de análise, avaliação de risco e definição de estratégias, quanto os SVE, responsáveis pela geração de grande parte dos dados e pela execução das ações de vigilância em campo. O fortalecimento dessa capacidade nos diferentes níveis do SVO poderá favorecer maior interoperabilidade entre sistemas, padronização e qualidade dos dados, automatização de análises e geração de informações estratégicas em tempo oportuno.

A consolidação dessa estrutura permitirá avançar de sistemas predominantemente voltados ao registro e acompanhamento das ocorrências para modelos capazes de integrar e analisar continuamente diferentes fontes de informação, favorecendo a identificação precoce de alterações no perfil epidemiológico, a priorização de áreas e populações de maior risco e o direcionamento mais oportuno das ações de vigilância.

Outro importante avanço consiste na integração de bancos de dados atualmente produzidos por diferentes instituições. Informações provenientes da vigilância

epidemiológica oficial, da vigilância ativa de aves silvestres assintomáticas conduzida por instituições ambientais e de pesquisa, do monitoramento de fauna, e de dados ambientais devem ser analisadas de forma integrada, ampliando significativamente a capacidade de compreender os determinantes ecológicos da circulação viral. Essa abordagem permitiria identificar com maior precisão áreas prioritárias para vigilância, rotas prováveis de dispersão, interfaces entre aves migratórias, aves residentes e aves domésticas, identificação de fatores ambientais associados à manutenção e disseminação do vírus bem como funcionaria como um sistema de alerta de focos para avicultura industrial.

A integração dessas evidências também deverá contribuir para o desenvolvimento de modelos capazes de identificar áreas de maior concentração de ocorrências (hotspots), estimar áreas com maior probabilidade de introdução e dispersão viral e subsidiar a atualização contínua das estratégias de vigilância baseada em risco no país para avicultura industrial.

A ampliação da vigilância genômica poderá, adicionalmente, permitir o acompanhamento mais sistemático da diversidade viral, de mutações, eventos de rearranjo genético e marcadores moleculares de interesse. Quando associadas às evidências epidemiológicas e, quando disponíveis, fenotípicas, essas informações podem apoiar a avaliação de alterações relacionadas à adaptação a hospedeiros, transmissibilidade e outras características relevantes. Em cenários nos quais estratégias de vacinação sejam consideradas, a caracterização genética e antigênica dos vírus circulantes também poderá oferecer subsídios para a avaliação e seleção de potenciais cepas vacinais.

Por fim, a consolidação da abordagem de Uma Só Saúde representa uma das principais perspectivas para o fortalecimento da vigilância da IAAP. A integração entre saúde animal, saúde humana, meio ambiente e conservação da fauna permitirá compreender de forma mais abrangente as interfaces ecológicas envolvidas na circulação dos vírus influenza, identificar precocemente eventos de transmissão entre espécies e aprimorar a capacidade de resposta frente às doenças transfronteiriças.

CAPÍTULO 7

Considerações finais

A experiência acumulada desde a introdução da IAAP no Brasil, em 2023, demonstrou a robustez e a capacidade de adaptação do sistema nacional de vigilância, sustentado pela atuação integrada entre o MAPA, os SVE, a rede laboratorial oficial, setor produtivo e os diferentes atores envolvidos na vigilância e na resposta às emergências zoossanitárias. A estrutura estabelecida permitiu detectar e investigar focos em diferentes espécies e contextos epidemiológicos, ampliar a capacidade diagnóstica e implementar oportunamente medidas de prevenção, controle e resposta.

Ao mesmo tempo, os resultados apresentados neste relatório demonstram que a epidemiologia da IAAP permanece dinâmica e sujeita a mudanças contínuas. A ampliação da distribuição geográfica e do espectro de hospedeiros, associada à identificação de diferentes genótipos, eventos de rearranjo genético e possíveis introduções independentes, evidencia que o risco sanitário não se restringe aos períodos ou às áreas onde foram observadas as primeiras detecções. Nesse cenário, a redução do número de focos ao longo do tempo não deve ser interpretada como redução da necessidade de vigilância, mas reforça a importância da manutenção de um sistema contínuo, sensível e baseado em risco, capaz de reconhecer precocemente alterações no padrão epidemiológico e direcionar as ações para populações aviárias, áreas e interfaces de maior risco.

A incorporação da vigilância genômica representou um importante avanço nesse processo. Sua integração às informações epidemiológicas, laboratoriais, espaciais e ecológicas ampliou a capacidade de interpretar os eventos detectados, formular e avaliar hipóteses sobre possíveis vias de introdução e dispersão viral, acompanhar a evolução dos vírus e orientar o aprimoramento das estratégias de vigilância. Os resultados demonstram, entretanto, que os dados genômicos devem permanecer integrados às investigações epidemiológicas de campo, atuando como fontes complementares de informação para a construção das conclusões do SVO.

A experiência brasileira também demonstra que a robustez de um sistema de vigilância não depende apenas de sua capacidade de responder aos focos, mas de sua capacidade de aprender e se adaptar continuamente às mudanças do cenário epidemiológico. A ampliação das espécies consideradas na vigilância, a incorporação de novas interfaces epidemiológicas, o fortalecimento da capacidade laboratorial e a utilização crescente de informações genômicas constituem exemplos dessa adaptação ao longo da emergência.

Para os próximos anos, torna-se estratégico consolidar esses avanços e fortalecer a capacidade de inteligência epidemiológica nos níveis central e estadual, promovendo maior integração e interoperabilidade entre dados epidemiológicos, laboratoriais, genômicos, ecológicos, ambientais e produtivos. Sistemas mais robustos de análise poderão permitir que o grande volume de informações produzido pela vigilância seja transformado, de forma cada vez mais oportuna, em conhecimento aplicado à avaliação de risco, ao alerta precoce e à definição das prioridades do SVO. Essa necessidade já é apontada nas perspectivas do próprio relatório.

Dessa forma, os resultados consolidados neste relatório demonstram que o Brasil dispõe de uma estrutura de vigilância abrangente e tecnicamente consolidada, capaz de detectar, investigar, caracterizar e responder aos eventos de IAAP. A manutenção dessa capacidade, entretanto, exige investimento contínuo na vigilância, na capacidade diagnóstica, na qualificação das informações, na integração entre instituições e na incorporação de novas ferramentas analíticas. Paralelamente, diante do caráter dinâmico da IAAP, da diversidade de hospedeiros envolvidos e da multiplicidade de interfaces capazes de favorecer a introdução e a disseminação viral, a implementação de **medidas de biossegurança em estabelecimentos avícolas** assumem importância cada vez maior como componente fundamental da prevenção. O fortalecimento contínuo dessas medidas, associado à vigilância baseada em risco e à detecção precoce, constitui uma das principais estratégias para reduzir a probabilidade de introdução do vírus nas populações de aves domésticas comerciais.

Mais do que responder à emergência iniciada em 2023, o desafio passa a ser consolidar uma vigilância permanente, integrada e orientada pelo risco, capaz de acompanhar a evolução da IAAP no Brasil e no mundo, antecipar mudanças relevantes no cenário epidemiológico e sustentar a proteção da avicultura nacional e da saúde pública.

Referências

- ARIYAMA, N. et al. Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus in Wild Birds, Chile. *Emerging Infectious Diseases*, Atlanta, v. 29, n. 9, 2023. Disponível em: <https://wwwnc.cdc.gov/eid/>. Acesso em: 10 ago. 2026.
- EUROPEAN FOOD SAFETY AUTHORITY (EFSA). Avian influenza. Parma: EFSA, 2026. Disponível em: <https://www.efsa.europa.eu>. Acesso em: 10 ago. 2026.
- EUROPEAN FOOD SAFETY AUTHORITY (EFSA). Avian influenza: new outbreaks expected in Europe until winter ends. Parma: EFSA, 11 dez. 2025. Disponível em: <https://www.efsa.europa.eu>. Acesso em: 10 ago. 2026.
- EUROPEAN FOOD SAFETY AUTHORITY (EFSA); EUROPEAN CENTRE FOR DISEASE PREVENTION AND CONTROL (ECDC); EUROPEAN UNION REFERENCE LABORATORY (EURL). Avian influenza overview December 2025–February 2026. *EFSA Journal*, v. 24, 2026.
- EFSA AHAW PANEL (EFSA Panel on Animal Health and Welfare); MORE, S.; BICOUT, D.; BØTNER, A.; et al. Scientific opinion on avian influenza. *EFSA Journal*, v. 15, n. 10, art. 4991, 2017. DOI: 10.2903/j.efsa.2017.4991.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO); WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO); WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH (WOAH). Updated joint FAO/WHO/WOAH public health assessment of recent highly pathogenic avian influenza A(H5) virus events in animals and people. Rome: FAO, 20 maio 2026. Disponível em: <https://www.fao.org>. Acesso em: 10 ago. 2026.
- MARTELLI, L. et al. Study of the interface between wild bird populations and poultry and their potential role in the spread of avian influenza. *Microorganisms*, v. 11, n. 10, art. 2601, 2023. DOI: 10.3390/microorganisms11102601.
- Mortality in sea lions is associated with the introduction of the H5N1 clade 2.3.4.4b virus in Brazil October 2023: whole genome sequencing and phylogenetic analysis. 2024.
- Cross-species and mammal-to-mammal transmission of clade 2.3.4.4b highly pathogenic avian influenza A/H5N1 with PB2 adaptations. 2025.
- Relatório de áreas de concentração de aves migratórias no Brasil. Cabedelo, PB: CEMAVE/ICMBio. 2022. 4ª edição
- RIVETTI JUNIOR, A. V.; REISCHAK, D.; OLIVEIRA, C. H. S. de et al. *Phylodynamics of avian influenza A(H5N1) viruses from outbreaks in Brazil*. *Virus Research*, v. 347, p. 199415, 2024. DOI: 10.1016/j.virusres.2024.199415.
- RIVETTI JUNIOR, A. V.; REISCHAK, D.; CARNEGIE, L. et al. *Genomic diversity and reassortment of highly pathogenic avian influenza A/H5N1 virus (clade 2.3.4.4b)*

in Brazil: Evidence of multiple introductions and intra-epidemic reassortment in 2025. Virology, v. 615, p. 110751, 2026. DOI: 10.1016/j.virol.2025.110751.

- SILVA, M. S. et al. Incursion of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus, Brazil, 2023. *Emerging Infectious Diseases*, Atlanta, v. 30, 2024.
- SOUZA, C. K. et al. Phylodynamics of avian influenza A(H5N1) viruses from outbreaks in Brazil. 2024.
- Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus outbreak in Peru in 2022–2023. 2024.
- Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) from Wild Birds, Poultry, and Mammals, Peru. *Emerging Infectious Diseases*, Atlanta, 2023.
- WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH (WOAH). Avian influenza. Paris: WOAH. Disponível em: <https://www.woah.org>. Acesso em: 10 ago. 2026.
- WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH (WOAH). Avian influenza: understanding new dynamics to better combat the disease. Paris: WOAH, 2025. Disponível em: <https://www.woah.org>. Acesso em: 10 ago. 2026.
- WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH (WOAH). Statement on the impact of HPAI on wildlife worldwide. Paris: WOAH, 18 dez. 2025. Disponível em: <https://www.woah.org>. Acesso em: 10 ago. 2026.
- WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH (WOAH). Terrestrial Animal Health Code. Chapter 10.4: Infection with high pathogenicity avian influenza viruses. Paris: WOAH. Disponível em: <https://www.woah.org>. Acesso em: 10 ago. 2026.

ANEXOS

Tabela 1. Amostras sequenciadas e identificação de genótipos resultante da vigilância oficial do vírus da influenza aviária de alta de patogenicidade no Brasil

ID	UF	Município	Espécie	Data de detecção	Genótipo	Cobertura do sequenciamento
1	ES	Cariacica	Trinta-réis-de-bando	15/05/2023	—	Parcial
2	ES	Cariacica	Trinta-réis-de-bando	15/05/2023	B3.2	Genoma completo
3	ES	Cariacica	Atobá-pardo	15/05/2023	—	Parcial
4	ES	Serra	Corujinha-do-mato	26/05/2023	—	Parcial
5	ES	Serra	Corujinha-do-mato	26/05/2023	B3.2	Genoma completo
6	RJ	Niterói	Fragata	03/06/2023	B3.2	Genoma completo
7	SP	Ubatuba	Trinta-réis-real	05/06/2023	—	Parcial
8	SP	Ubatuba	Trinta-réis-real	05/06/2023	B3.2	Genoma completo
9	BA	Caravelas	Trinta-réis-real	06/06/2023	—	Parcial
13	SC	Itapoá	Trinta-réis-real	25/07/2023	B3.2	Genoma completo
14	SC	—	Galinha-d'Angola	15/07/2023	B3.2	Genoma completo
15	PR	Antonina	Trinta-réis-real	23/06/2023	B3.2	Genoma completo
16	ES	Itapemirim	Gavião-preto	07/06/2023	B3.2	Genoma completo
17	MS	Bonito	Galinha	22/09/2023	B3.2	Genoma completo
19	SC	São Francisco do Sul	Atobá-pardo	27/09/2023	B3.2	Genoma completo
20	RS	Rio Grande	Leão-marinho-da-Patagônia	03/10/2023	B3.2	Genoma completo
21	RS	Torres	Leão-marinho-da-Patagônia	11/10/2023	B3.2	Genoma completo
23	ES	Piúma	Trinta-réis-boreal	27/05/2023	—	Parcial
24	SC	Penha	Quero-quero	29/08/2023	—	Parcial
25	SP	Bertioga	Bobo-pequeno	18/09/2023	—	Parcial
27	RS	São José do Norte	Trinta-réis-real	13/10/2023	B3.2	Genoma completo
28	RS	—	Lobo-marinho-sul-americano	06/10/2023	—	Parcial
30	SP	Bertioga	Batuiçu	08/11/2023	—	Parcial
31	SP	Bertioga	Batuiçu	08/11/2023	B3.2	Genoma completo
32	SP	São Sebastião	Pardela-preta	09/11/2023	B3.2	Genoma completo
33	SC	Penha	Trinta-réis-boreal	09/11/2023	B3.2	Genoma completo
34	SP	Ubatuba	Pardela-preta	10/11/2023	B3.2	Genoma completo
35	PR	Matinhos	Trinta-réis-de-bando	14/11/2023	B3.2	Genoma completo
36	SP	Ilha Comprida	Trinta-réis-de-bando	16/11/2023	B3.2	Genoma completo
37	SP	Praia Grande	Trinta-réis-real	13/12/2023	B3.2	Genoma completo
38	ES	Itapemirim	Trinta-réis-boreal	02/02/2024	B3.2	Genoma completo

39	RJ	Macaé	Trinta-réis-boreal	09/02/2024	B3.2	Genoma completo
40	SP	Bertioga	Trinta-réis-de-bando	22/02/2024	B3.2	Genoma completo
41	ES	Piúma	Trinta-réis-boreal	02/03/2024	B3.2	Genoma completo
42	RJ	São João da Barra	Trinta-réis-boreal	02/03/2024	—	Parcial
43	RJ	São Francisco de Itabapoana	Trinta-réis-boreal	02/03/2024	B3.2	Genoma completo
44	RJ	Cabo Frio	Trinta-réis-boreal	09/03/2024	B3.2	Genoma completo
45	RJ	Rio das Ostras	Trinta-réis-boreal	15/03/2024	B3.2	Genoma completo
48	ES	Vitória	Trinta-réis-de-bando	26/04/2024	B3.2	Genoma completo
51	RJ	Macaé	Trinta-réis-de-bando	12/04/2024	B3.2	Genoma completo
52	RJ	São Francisco de Itabapoana	Trinta-réis-boreal	05/04/2024	B3.2	Genoma completo
56	RS	Sapucaia do Sul	Cisne-negro	15/05/2025	K.8	Genoma completo
57	RS	Sapucaia do Sul	Cisne-de-pescoço-negro	15/05/2025	—	Genoma completo
58	RS	Montenegro	Galinha	15/05/2025	—	Genoma completo
59	MG	Mateus Leme	Cisne-negro	25/05/2025	—	Genoma completo
60	MG	Mateus Leme	Cisne-negro	25/05/2025	—	Genoma completo
61	RS	Montenegro	João-de-barro	28/05/2025	—	Genoma completo
62	MT	Campinópolis	Galinha	07/06/2025	—	Genoma completo
63	DF	Brasília	Irerê	03/06/2025	N.1	Genoma completo
64	DF	Brasília	Emu	14/06/2025	—	Genoma completo
65	GO	Santo Antônio da Barra	Galinha	13/06/2025	—	Genoma completo
67	ES	São Mateus	Irerê	27/06/2025	—	Genoma completo
69	SP	São Paulo	Galinha	11/07/2025	—	Genoma completo
70	CE	Quixeramobim	Galinha	17/07/2025	—	Genoma completo
71	RJ	Rio de Janeiro	Galinha-d'Angola	22/07/2025	—	Genoma completo
72	SP	Monte Azul Paulista	Galinha	23/07/2025	—	Genoma completo
74	MG	Mateus Leme	Ganso	25/05/2025	N.1	Genoma completo
75	MT	Cuiabá	Pavão	23/12/2025	—	Parcial
76	MT	Acorizal	Galinha	16/01/2026	—	Parcial (HA, NP, NA, MP e NS)
77	MT	Cuiabá	Galinha	23/12/2025	N.1	Genoma completo
78	RS	Santa Vitória do Palmar	Capororoca	03/03/2026	—	Genoma completo
79	SP	Guaíra	Irerê	15/07/2026	—	Genoma completo
80	RS	Coqueiros do Sul	Galinha	17/07/2026	—	Genoma completo



MINISTERIO DA
**AGRICULTURA
E PECUÁRIA**

