

Rede Vírus-MCTI/PREVIR-MCTI

São Paulo, 04 de fevereiro de 2023

INFORME N.01/23 REDE PREVIR-MCTI

A Rede PREVIR-MCTI, através do Instituto de Ciências Biomédicas II (ICB-II) e da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA) da Universidade de São Paulo (USP), do Instituto de Biologia (IB) da Unicamp e da Universidade do Vale do Rio dos Sinos, identificou e sequenciou uma parte do genoma do vírus de Influenza aviária em amostras de aves coletadas no Parque Nacional da Lagoa do Peixe ($31^{\circ}16'44.4''\text{S}$ $50^{\circ}56'09.9''\text{W}$) e Litoral Médio entre os dias 03 ao 08/01/2023 (Figura 1).



Figura 1: Coleta de amostras na Lagoa do Peixe. (A) Localização geográfica, (B) Identificação da área e espécies no local, (C) Coleta de sangue dos animais, (D) Armazenagem de amostras em nitrogênio líquido.



A rede PREVIR-MCTI tem intensificado a vigilância ativa de aves silvestres migratórias em diferentes regiões do Brasil com o intuito de complementar a vigilância ativa em razão da epidemia de influenza H5N1. A linhagem do subtipo H5N1 do vírus da influenza aviária é altamente patogênica em aves e foi identificado pela primeira vez em gansos na China em 1996 (Duan et al., 2008). Este vírus tem sido disseminado pelas aves silvestres de todo o mundo e vem causando um enorme impacto e repercussão na produção avícola, no comércio internacional e em criações de subsistência. A temporada epidêmica atual tem sido causada pelo subtipo H5 clado 2.3.4.4B com surtos relatados em aves silvestres e domésticas, principalmente nas regiões da Europa, África e das Américas (FAO, 2023). Este vírus foi introduzido na América do Norte (Estados Unidos e Canadá) por aves silvestres em novembro de 2021 (Caliendo et al., 2022). Nos Estados Unidos, o maior produtor de carne de frango do mundo, o vírus foi identificado em aves domésticas em 47 estados americanos com mais de 58.24 milhões de aves afetadas devido a surtos identificados e controlados (USDA, 2023a). O vírus foi identificado em mais de 6111 pelas aves silvestres em 49 estados americanos (USDA, 2023c).

Algumas espécies de aves silvestres migram para o hemisfério Sul entre os meses de outubro e março em busca de alimentos e de condições climáticas favoráveis à reprodução. Desde o segundo semestre de 2022, o vírus também foi encontrado em aves silvestres e domésticas de dez países da América Latina, Bolívia, Chile, Colômbia, Equador, Honduras, Ilhas Cayman, Mexico, Panamá, Peru e Venezuela (WAIHS-WOAH, 2023). O vírus possui um padrão de aumentar a sua transmissão durante outono e inverno no hemisfério Norte. Porém, em 2022 foi observada a persistência incomum do vírus em aves silvestres durante os meses de verão pela primeira vez (FAO, 2022).

Durante a expedição, foram coletadas amostras de 43 indivíduos, sendo estes de 5 espécies migratórias e uma residente (*Larus dominicanus*). As espécies de aves migratórias capturadas e tiveram suas amostras coletadas foram: *Sterna sp*, *Pluvialis dominica*, *Tringa melanoleuca*, *Sterna hirunda*, *Calidris fuscicollis*, *Calidris alba*. Entre estes animais, dois indivíduos da espécie *Calidris fuscicollis* e um *Larus dominicanus* apresentavam sintomatologia neurológica, como prostração, paralisia de pernas e sem repostas a estímulos. A equipe de expedição comunicou o PNLP sobre as aves com sintomatologia. As amostras foram recebidas e processadas no dia 03/02/2023 pelo ICB-II-USP. Entre os 43 indivíduos testados, um animal (*Calidris fuscicollis*) foi positivo pelo teste RT-qPCR tendo como o gene da matrix do vírus da influenza aviária como alvo, o que indica a presença do vírus da influenza aviária nos animais com o Ct de 30. A ave *Larus dominicanus* e a outra ave *Calidris*



fuscicollis foram negativas pelo teste. A notificação do caso foi realizada no dia 04/02/2023 ao sistema eSISBRAVET para a identificação/caracterização do subtipo envolvido no caso.

Vale reiterar que o MAPA está plenamente preparado para gerenciar uma eventual introdução do vírus da influenza aviária com a identificação de casos, o diagnóstico precoce, assim como do MS em realizar a vigilância genômica de influenza humana. O envolvimento do MMA será importante para alertar os servidores dos parques Nacionais e Zoológicos para que possam também registrar e notificar eventuais mortalidades de aves silvestres e infecções esporádicas em mamíferos (Bordes et al., 2023; USDA, 2023b). Assim, por se tratar de um patógeno zoonótico e transmitido por aves silvestres, a rede PREVIR-MCTI recomenda que se estabeleça um comitê interministerial juntamente com cientistas para otimizar as ações para gerenciar esta crise.

Os esforços de vigilância ativa e passiva, notificações, biosseguridade nas granjas devem continuar. A qualidade da vigilância (em aves domésticas e silvestres) é fundamental para a detecção precoce e a resposta imediata à influenza aviária, que possui impacto não apenas na saúde animal como na saúde pública também. A rede PREVIR-MCTI tem dado continuidade do monitoramento dos vírus potencialmente zoonóticos em aves silvestres para identificar precocemente uma possível dispersão destes vírus na fauna silvestre brasileira e potencial transmissão para os animais domésticos. Todos os dados estão sendo disponibilizados em bases de dados públicos nacionais (PREVIR – MCTI), comunicados ao MCTI e bases internacionais (PubMed) com a posterior submissão do trabalho ao periódico científico.

Bibliografia Citada

1. Bordes, L., Vreman, S., Heutink, R., Roose, M., Venema, S., Pritz-Verschuren, S.B.E., Rijks, J.M., Gonzales, J.L., Germeraad, E.A., Engelsma, M., Beerens, N., 2023. Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 Virus Infections in Wild Red Foxes (*Vulpes vulpes*) Show Neurotropism and Adaptive Virus Mutations. *Microbiol Spectr*, e0286722.
2. Caliendo, V., Lewis, N.S., Pohlmann, A., Baillie, S.R., Banyard, A.C., Beer, M., Brown, I.H., Fouchier, R.A.M., Hansen, R.D.E., Lameris, T.K., Lang, A.S., Laurendeau, S., Lung, O., Robertson, G., van der Jeugd, H., Alkie, T.N., Thorup, K., van Toor, M.L., Waldenstrom, J., Yason, C., Kuiken, T., Berhane, Y., 2022. Transatlantic spread of highly pathogenic avian influenza H5N1 by wild birds from Europe to North America in 2021. *Sci Rep* 12, 11729.
3. Duan, L., Bahl, J., Smith, G.J., Wang, J., Vijaykrishna, D., Zhang, L.J., Zhang, J.X., Li, K.S., Fan, X.H., Cheung, C.L., Huang, K., Poon, L.L., Shortridge, K.F., Webster, R.G., Peiris, J.S., Chen, H., Guan, Y., 2008. The development and genetic diversity of H5N1 influenza virus in China, 1996-2006. *Virology* 380, 243-254.



4. FAO 2022. Alerta da FAO a países da América Central e Sul: gripe aviária h5 alta Patogenicidade–risco de introdução e propagação (file:///C:/Users/helen/Downloads/ALERTA%20INFLUENZA%20AVIAR%20DE%20ALTA%20PATOGENICIDAD%20(1)%20(1).pdf, FAO).
5. FAO 2023. Global AIV Zoonotic Update. (<https://www.fao.org/animal-health/situation-updates/global-aiv-with-zoonotic-potential/en>, FAO).
6. USDA 2023a. 2022-2023 Confirmations of Highly Pathogenic Avian Influenza in Commercial and Backyard Flocks (<https://www.aphis.usda.gov/aphis/ourfocus/animalhealth/animal-disease-information/avian/avian-influenza/hpai-2022/2022-hpai-commercial-backyard-flocks>, USDA).
7. USDA 2023b. 2022-2023 Detections of Highly Pathogenic Avian Influenza in Mammals (<https://www.aphis.usda.gov/aphis/ourfocus/animalhealth/animal-disease-information/avian/avian-influenza/hpai-2022/2022-hpai-mammals>, USDA).
8. USDA 2023c. 2022-2023 Detections of Highly Pathogenic Avian Influenza in Wild Birds (<https://www.aphis.usda.gov/aphis/ourfocus/animalhealth/animal-disease-information/avian/avian-influenza/hpai-2022/2022-hpai-wild-birds>, USDA).
9. WAIHS-WOAH 2023. World Animal Health Information System.

Rede PREVIR-MCTI