

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL  
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA

INFLUENZA AVIÁRIA: SITUAÇÃO ATUAL NO CONTINENTE AMERICANO

Rafaela Menezes

PORTO ALEGRE

2017/2

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL  
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA

INFLUENZA AVIÁRIA: SITUAÇÃO ATUAL NO CONTINENTE AMERICANO

Autor: Rafaela Menezes

Trabalho apresentado à Faculdade de  
Veterinária como requisito parcial para a  
obtenção da graduação em Medicina  
Veterinária

Orientador: Hamilton Luiz de Souza Moraes

PORTO ALEGRE

2017/2

## RESUMO

A Influenza Aviária é uma doença viral aguda altamente contagiosa que apresenta como agente etiológico os vírus da Influenza A, os quais pertencem à família *Orthomyxoviridae*. As aves das ordens *Anseriformes* e *Charadriiformes* atuam como principais reservatórios naturais. Várias espécies aviárias de ambas as ordens apresentam suas principais rotas migratórias nas Américas, vindas principalmente da América do Norte para o sul do continente durante o período de reprodução. Até hoje, não houve diagnóstico clínico e laboratorial da doença no Brasil. Entretanto, o Brasil está na rota migratória de algumas espécies de pássaros, levando a uma grande preocupação com o risco da ocorrência de um surto de influenza aviária no país. Neste trabalho é realizada a atualização dos surtos da enfermidade mais recentes que ocorrem no continente americano.

Palavras-chave: Influenza aviária; rotas migratórias; América Latina.

## **ABSTRACT**

*Avian Influenza is a highly contagious acute viral disease with the etiological agent as Influenza A viruses, which belong to the Orthomyxoviridae family. The birds of the orders Anseriformes and Charadriiformes act as main natural reservoirs. Several avian species of both orders present their main migratory routes in the Americas, mainly coming from North America to the south of the continent during the breeding season. To date, there has been no clinical and laboratory diagnosis of the disease in Brazil. However, Brazil is on the migratory route of some bird species, leading to great concern about the risk of an outbreak of avian influenza in the country. Neste trabalho é realizada a atualização dos surtos da enfermidade mais recentes que ocorrem no continente americano.*

*Keywords: Avian influenza; migratory routes; Latin America.*

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 - A emergência de vírus da gripe pandêmica A.....	12
Figura 2 - As nove maiores rotas migratórias de aves no mundo.....	15
Figura 3 - Mapa das principais rotas migratórias de aves do Brasil.....	15
Figura 4 - Distribuição geográfica de estudos sobre a ocorrência de AIV em aves selvagens na América do Sul entre 2006 e 2016.....	21

## LISTA DE ABREVIATURAS

ABPA - Associação Brasileira de Proteína Animal

AIV – Vírus da Influenza Aviária

AS – Ácido Siálico

HA – Hemaglutinina

HPAI – *High Pathogenic Avian Influenza*

IA – Influenza Aviária

IVPI - *Intravenous Pathogenicity Index*

LP AI – *Low Pathogenic Avian Influenza*

M1 - *Matrix Protein 1*

M2 - *Membrane ion channel protein*

NP - Nucleoproteína

NA - Neuraminidase

RNA – Ácido Ribonucleico

PA - Polimerase

PB1 - *Polymerase Basic Protein 1*

PB2 - *Polymerase Basic Protein 2*

PIB – Produto Interno Bruto

OIE - Organização Mundial de Saúde Animal (*World Organisation for Animal Health*)

## SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	7
2	VÍRUS DA INFLUENZA.....	8
2.1	Transmissão e ocorrência .....	9
3	INFLUENZA COMO ZOONOSE .....	11
4	AVES SILVESTRES E SUAS ROTAS MIGRATÓRIAS .....	13
5	IMPACTO ECONÔMICO .....	16
6	SURTOS NA AMÉRICA LATINA .....	19
7	CONCLUSÃO .....	21
	REFERÊNCIAS .....	22

## 1 INTRODUÇÃO

A Influenza Aviária é uma doença viral aguda altamente contagiosa que apresenta como agente etiológico os vírus da Influenza A, os quais pertencem à família *Orthomyxoviridae* e podem ser classificados quanto à patogenicidade. Estes vírus infectam aves e diferentes espécies de mamíferos, incluindo-se o ser humano. A infecção em aves domésticas ou confinadas pode se apresentar de variadas formas, desde a doença subclínica que cursa com problemas respiratórios leves e queda na produção de ovos até a doença aguda, de caráter grave que pode ocasionar altas mortalidades (MORAES; SALLE, 2015).

As aves das ordens *Anseriformes* e *Caradriformes* atuam como principais reservatórios naturais e a prevalência viral nestas espécies é maior do que em outros pássaros (WEBSTER *et al.*, 1992). Várias espécies aviárias de ambas as ordens apresentam suas principais rotas migratórias nas Américas, vindas principalmente da América do Norte para o sul do continente durante o período de reprodução.

Até hoje, não houve diagnóstico clínico e laboratorial da doença no Brasil. Entretanto, o Brasil está na rota migratória de algumas espécies de pássaros, levando a uma grande preocupação com o risco da ocorrência de um surto de influenza aviária no país. E sendo o maior exportador e segundo maior produtor de carne de frango do mundo (ABPA, 2016), o surto geraria um enorme impacto na economia brasileira.



## 2 VÍRUS DA INFLUENZA AVIÁRIA

O vírus é do gênero influenza A e integrante da família *Orthomyxoviridae*, RNA fita simples, de polaridade negativa (complementar ao RNAm), pleomórfico e possui de 80 a 120 nm de tamanho. O seu genoma é segmentado em oito partes que codificam 14 diferentes proteínas. As proteínas da membrana do vírion são a hemaglutinina (HA), a neuroaminidase (NA) e a proteína M2. As proteínas internas são as polimerases PB1, PB2 e PA, a nucleoproteína (NP) e a proteína de matriz (M1). Os oito segmentos de RNA são necessários para o vírus tornar-se infeccioso (WEBSTER *et al.*, 1992).

Até o momento foram descritos 16 subtipos de hemaglutinina (HA) e nove subtipos de neuroaminidase (NA), isolados de aves aquáticas, reservatórios naturais do vírus da Influenza A. Foram isolados dois novos subtipos em morcegos, o H17N10 (TONG *et al.*, 2012a) e o H18N11 (TONG *et al.*, 2013b), levantando a possibilidade de haver outros animais reservatórios naturais, além das aves aquáticas.

A HA, proteína integral da membrana e o maior antígeno de superfície, é responsável pela ligação e fusão do vírion com a célula do hospedeiro. E a NA tem como função clivar o ácido siálico (AS) das glicoproteínas, permitindo a liberação das partículas virais que estavam ligadas aos receptores das células hospedeiras, assim facilitando a propagação do vírus no organismo (WEBSTER *et al.*, 1992).

Segundo a Organização Mundial para Saúde Animal (OIE), o vírus da influenza aviária pode ser classificado quanto ao seu grau de patogenicidade em cepas de alta (*High Pathogenicity Avian Influenza* - HPAI) ou baixa patogenicidade (*Low Pathogenicity Avian Influenza* - LPAI). As cepas que possuem o índice de patogenicidade (IVPI) maior que 1,2 em aves de seis semanas de idade ou que cause no mínimo 75% de mortalidade em aves de quatro a oito semanas de idade infectadas por via intravenosa são classificadas como HPAI.

Os vírus dos subtipos H5 e H7 podem ser classificados em HPAI e LPAI. Os vírus dos subtipos H1 a H4, H6 e H8 a H16 são vírus LPAI. As cepas HPAI são de notificação obrigatória e imediata a OIE. Os reservatórios naturais podem ser uma fonte direta de infecção de cepas LPAI e HPAI na avicultura doméstica. Em muitos casos, a emergência de uma cepa HPAI mutante é consequência da pré-existência de um surto de uma cepa LPAI (MONNE *et al.*, 2014).

Quando invadem as células hospedeiras, os vírus utilizam sua maquinaria genética para se replicar. Durante esse período podem sofrer mutações que resultam em uma nova cepa antigênica que o sistema imunológico do hospedeiro não consegue reconhecer (COLVILLE, 2007). Dois mecanismos provêm a diversidade genética na população viral: uma altíssima taxa de mutação e a habilidade de misturar (*reassortment*) o material genético (KIM, 2006; SLEMONS *et al.*, 2008). A patogenicidade das cepas não é inibida por essas mutações.

Se um vírus da influenza aviária e um vírus da influenza humana co-infectarem a mesma célula hospedeira, eles podem misturar seu genoma para formar um vírus inteiramente novo. Este fenômeno é chamado de *shift* antigênico e os resultados são mais graves dos que os observados na ocorrência dos *drifts* antigênicos, em que há uma menor variação antigênica decorrente do acúmulo de mutações pontuais. O hospedeiro não possui imunidade prévia a esse vírus novo. Além disto, o novo vírus pode herdar a patogenicidade do vírus da influenza aviária e a habilidade do vírus humano em ser transmitido de pessoa para pessoa. Assim, há o risco na ocorrência de uma pandemia (COLVILLE, 2007).

## 2.1 Transmissão e ocorrência

São duas as principais vias de transmissão do AIV, a direta entre os animais e através da água (ALEXANDER, 2007; ROCHE *et al.*, 2009). Segundo Webster *et al.* (1992), os vírus replicam-se preferencialmente nas células do trato intestinal em patos selvagens, não causam sinais clínicos e são excretados em altas concentrações nas fezes. Vírus da IA geralmente são isolados de material fecal recém-depositado e de água não concentrada de lagos, indicando uma forma eficiente que as aves aquáticas têm de transmitir o vírus. À medida que migram através de uma área, os patos podem transmitir o vírus para outras aves domésticas e selvagens (WEBSTER *et al.*, 1992).

Em algumas espécies ou estirpes virais, como o HPAI H5N1, a excreção pela via respiratória também é importante (CATTOLI; MONNE, 2009). Diferenças de comportamento alimentar entre as espécies poderiam selecionar vírus que alterem a transmissão fecal-oral para a respiratória. Patos alimentam-se em águas de superfície, contudo gansos e algumas espécies de cisnes buscam alimento geralmente em pastos e campos agrícolas, explicando uma menor prevalência e diversidade de subtipos detectados nos gansos (MUNSTER; FOUCHIER, 2009).

Além disto, os padrões de transmissão dependem da densidade de animais e envolvem a transmissão pela água, sendo essa a principal determinante para o avanço da doença (ROCHE et al., 2009). Segundo Webster *et al.* (1992), existem várias possibilidades para a perpetuação dos vírus influenza em populações de aves aquáticas: a circulação contínua em espécies de aves aquáticas, a circulação entre diferentes espécies de aves, a persistência do vírus na água ou no gelo, a persistência em animais individuais e a circulação contínua em regiões subtropicais e tropicais.

### 3 INFLUENZA COMO ZOONOSE

A influenza aviária ou peste aviária foi descrita inicialmente em 1878 por Perroncito que a diferenciou das doenças bacterianas e por Centanini e Savunozzi que identificaram um agente filtrável (vírus) em 1901. Contudo, a chamada peste aviária foi identificada como sendo causada por um vírus da influenza, que hoje sabemos ser do tipo A, somente em 1955 (MORAES ; SALLE, 2015).

Os vírus da Influenza A causam epidemias recorrentes e pandemias globais. Foram descritas quatro pandemias no último século, a Espanhola (H1N1) em 1918, que ocasionou a morte de mais de 50 milhões de pessoas em todo mundo, a Asiática (H2N2) em 1957, a Hong Kong (H3N2) em 1968 e a H1N1 em 2009 (Figura 1).

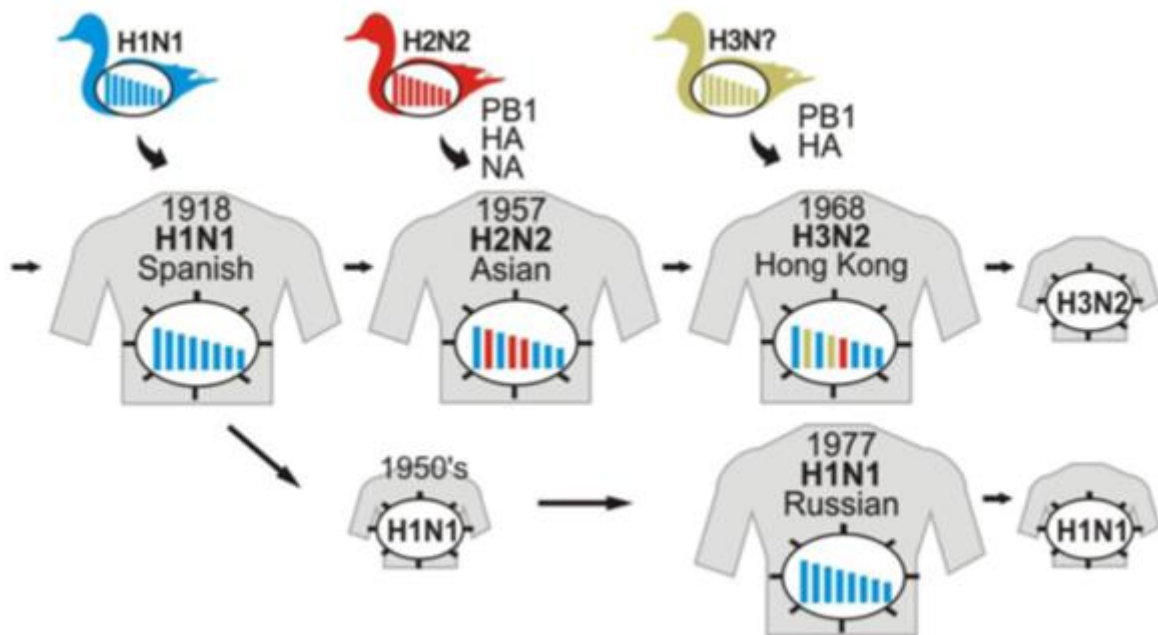


Figura 1 - A emergência de vírus da gripe pandêmica A "gripe espanhola" provavelmente foi causada pela transmissão de um vírus da gripe aviária para humanos. Em 1957, a introdução de vírus aviários H2N2 em populações humanas resultou na "gripe asiática". Da mesma forma, a introdução de genes H3 e PB1 de vírus aviário em populações humanas ocasionou a "gripe de Hong Kong" em 1968. Em 1977, os vírus H1N1 isolados assemelhavam-se a cepas que circulavam em meados da década de 1950. Fonte: Neumann, Noda, Kawaoka, 2009.

Duas barreiras principais precisam ser ultrapassadas para um vírus não humano da influenza A tornar-se pandêmico. A primeira barreira é a de transmissão de animal a humano (reservatório natural para humano). A exposição do humano às aves selvagens é limitada, por isso a transmissão direta é rara. Contudo, os vírus poderão infectar espécies intermediárias

que têm maior contato com humanos, como porcos e galinhas (RICHARD; de GRAAF; HERFST, 2014).

A segunda barreira a ser superada é a de transmissão de humano a humano e para isso o vírus precisa adaptar-se ao seu novo hospedeiro por mutações ou por *reassortment*. Os vírus aviários dos subtipos H5, H6, H7, H9 e H10 já demonstraram capacidade de infectar humanos (RICHARD; de GRAAF; HERFST, 2014). Segundo Herfst (2012), os vírus HPAI H5N1 têm potencial para evoluir diretamente para transmissão por aerossóis ou gotículas respiratórias entre mamíferos, sem necessidade de *reassortment* em nenhum hospedeiro intermediário.

O primeiro passo para a infecção do hospedeiro é a ligação da HA viral ao receptor de ácido siálico (AS), sítio terminal encontrado em glicoproteínas da célula. Os AS podem ser classificadas de acordo com sua ligação ao açúcar subjacente pelo carbono  $\alpha$ -2. As ligações mais comuns são através de  $\alpha$ -2,3 e  $\alpha$ -2,6 (STALLNECHT *et al.*, 1990).

Os vírus da Influenza humana (H1, H2 e H3), ligados aos ASs e à galactose em uma ligação  $\alpha$ 2,6 ( $\alpha$ 2,6-AS), são predominantes nas células epiteliais do trato respiratório superior humano. Em contrapartida, os vírus da gripe aviária têm preferência para os ASs que estão ligados à galactose em uma ligação  $\alpha$ 2,3 ( $\alpha$ 2,3-AS), que estão abundantemente presentes nas células epiteliais do trato intestinal das aves e do trato respiratório inferior de humanos.

Essa distinção entre a especificidade do receptor humano e aviário não é absoluta. Alguns isolados aviários possuem uma especificidade  $\alpha$ 2,6-AS ou, pelo menos, uma especificidade dupla, tanto para  $\alpha$ 2,6-AS como para  $\alpha$ 2,3-AS. Exemplo são os vírus H9N2 que circulam na Ásia em aves domésticas (MATROSOVICH; KRAUSS; WEBSTER, 2000). O fato de aves domésticas, como galinhas ou codornas, possuírem uma mistura  $\alpha$ 2,3-AS e  $\alpha$ 2,6-AS na superfície das células epiteliais respiratórias e intestinais enfatiza o potencial papel como hospedeiro intermediário para infectar seres humanos (GUO *et al.*, 2007).

#### 4 AVES SILVESTRES E SUAS ROTAS MIGRATÓRIAS

A definição de rota migratória, segundo Boere e Stroud (2006),

é toda a gama de espécies de aves migratórias (ou grupos de espécies relacionadas ou populações distintas de uma única espécie) através das quais se deslocam anualmente desde o viveiro até áreas de não reprodução, incluindo lugares intermediários de descanso e alimentação, bem como a área dentro da qual as aves migram.

A migração em aves é um movimento regular entre áreas de reprodução e de invernada que estão geograficamente separadas. E envolvem o deslocamento de populações e não de indivíduos (CORNELL UNIVERSITY, 2014). São conhecidos dois tipos de migração: a obrigatória e a facultativa. Na obrigatória, as aves parecem pré-programadas a deixar suas áreas de reprodução em uma determinada época do ano e a retornarem algum tempo depois. Esse tipo de migração é encontrado em aves migratórias de curta e de longa distância, mas está mais presente nas de longa. Tempo, direções e distâncias são relativamente constantes ano a ano (NEWTON, 2011).

A migração facultativa é considerada opcional, ocorrendo por fatores como a oferta de alimento e as condições do tempo. Os indivíduos podem migrar em um ano e não em outro, migrar longas ou curtas distâncias e muitas vezes invernar e até reproduzir em áreas diferentes a cada ano (NEWTON, 2011).

Pássaros que se reproduzem no hemisfério norte tendem a migrar em direção ao norte na primavera para aproveitar a abundância de comida e os locais de reprodução. Quando o inverno se aproxima, a disponibilidade de comida diminui e os pássaros retornam ao sul (CORNELL UNIVERSITY, 2007). Os locais de parada ao longo de suas rotas estão relacionados às táticas de forrageamento, aos hábitos e à disponibilidade de alimento. Geralmente, as aves concentram-se em áreas específicas onde trocam as penas e se alimentam para continuar a viagem (ICMCBIO, 2015).

Mais de dois terços das aves terrestres que se reproduzem na América do Norte migram longas distâncias para áreas de não reprodução no México, América Central, América do Sul e ilhas do Caribe (MOORE *et al.*, 2005). Das 1919 espécies de aves registradas no Brasil, segundo do mundo em diversidade, 197 apresentam algum padrão de deslocamento que pode ser considerado migratório (CI-BRASIL, 2011; ICMCBIO, 2015). São nove as

principais rotas migratórias no mundo: Atlântica das Américas, Central das Américas, Pacífica das Américas, Atlântica Oriental, Centro-Asiática, Ásia Oriental-Australásia, Mar Negro-Mediterrâneo, Ásia Ocidental-África Oriental e Pacífica Central (WETLANDS INTERNATIONAL, 2017) (Figura 2). Na América, são quatro rotas migratórias: Pacífica, Central, Mississipi e Atlântica (NATIONAL AUDUBON SOCIETY, 2016). E no Brasil, são cinco rotas principais: Atlântica, Nordeste, Brasil Central, Amazônia Central/Pantanal e Amazônia Ocidental (ICMCBIO, 2015) (Figura3).

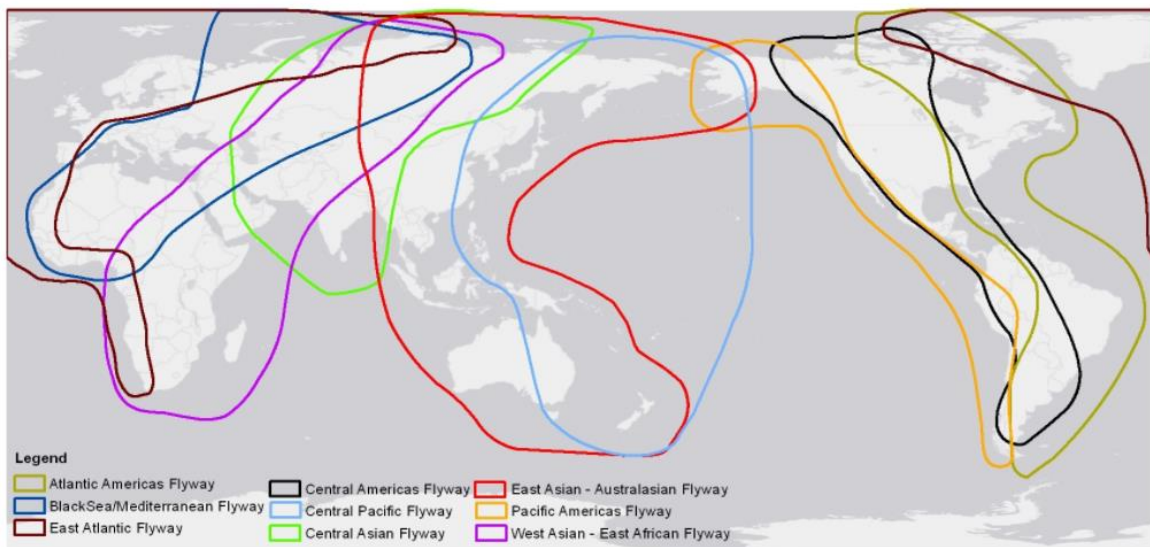


Figura 2 – As nove maiores rotas migratórias de aves no mundo. Fonte: Wetlands, 2017.



Figura 3 – Mapa das principais rotas migratórias de aves do Brasil. Fonte: Icmcbio, 2015.

Muitas espécies de aves que se movimentam através dessas rotas migratórias têm altos níveis de infecção pelo vírus da influenza aviária. Esse fenômeno natural proporciona um mecanismo para que o vírus dissemine-se por longas distâncias, conectando localidades distantes e criando oportunidades para transmissão entre espécies selvagens e aves domésticas residentes em locais geográficos diferentes (FOURMENT; DARLING; HOLMES, 2017)

Após avaliar relações filogenéticas, movimento de aves migratórias e comércio de aves domésticas e selvagens para a predição do risco de disseminação global do subtipo H5N1. Kilpatrick *et al.* (2006) concluíram que a principal via de dispersão do vírus na Europa foi o movimento das aves migratórias. Segundo Fourment *et al.* (2017), a migração Norte-Sul de pássaros na América do Norte desempenha um papel importante na formação da estrutura genética das populações do vírus da influenza aviária. Assim, a propagação do vírus em aves selvagens em escala continental tem algum grau de previsibilidade que eventualmente pode auxiliar na tentativa de controlar a disseminação futura de qualquer vírus de gripe altamente patogênico emergente na América do Norte.



## 5 IMPACTO ECONÔMICO

Nas últimas três décadas, a Influenza Aviária causada pelo subtipo H5N2 percorreu um caminho de norte a sul no continente americano, iniciando nos Estados Unidos, posteriormente no México e na América Central. Até 2002, não havia relatos de que o HPAI teria ocorrido na América do Sul. Contudo, em 2017 o Chile relatou um surto de IA causado por uma cepa do subtipo H7N3, classificada como HPAI. Devido à organização estrutural da indústria avícola e à rápida intervenção governamental, a enfermidade foi controlada com a eliminação de cerca de meio milhão de aves, com perdas aproximadas de 31 milhões de dólares (MARTINS, 2012).

Desde então, há uma grande preocupação com surtos da doença em países da América Latina, principalmente pelo seu potencial zoonótico, alta mortalidade, facilidade de mutações do agente e pelas elevadas perdas econômicas. Segundo Otte, Nugent e Mcleod (2004), as consequências econômicas dos surtos de enfermidades animais transfronteiriças dependem do tipo de doença e de fatores como a produção, isto é, o quão dependente dessa é o mercado da região afetada. No caso da influenza aviária, produtos de origem avícola sofreriam uma redução na produção, principalmente pelos sinais clínicos da doença associados com a queda na produção de ovos, redução do potencial zootécnico e com a mortalidade acentuada dos lotes.

Além disso, há queda nas importações de produtos avícolas, variação dos preços definida pela oferta e pela demanda, preocupações com a segurança alimentar e com a saúde da população pelo potencial zoonótico do AIV. Assim, gerando altos custos ao governo local para contenção da doença e para reembolso das perdas dos produtores (OTTE; NUGENT; MCLEOD, 2004).

No Brasil não existe diagnóstico clínico e laboratorial de influenza aviária. Contudo, o vírus pode chegar ao país por meio das aves migratórias, movimentação internacional de aves de produção e companhia, comércio de material genético, produtos e subprodutos avícolas e também através de turistas provenientes de áreas infectadas (BRASIL, 2013). Já se verificou a presença do vírus em aves domésticas e migratórias em diversas partes do território brasileiro, o que aumenta a possibilidade da forma mais agressiva chegar ao Brasil e se disseminar (KAWAMOTO *et al.*, 2005; SOUSA *et al.*, 2013).

O Brasil é o maior exportador e segundo maior produtor de carne de frango do mundo (ABPA, 2016) e a possibilidade crescente do país em também registrar surtos de IA preocupa autoridades públicas nacionais e agentes do setor privado. Além das perdas com a mortalidade das aves na região do foco e dos gastos públicos para controle, fiscalização e limpeza, a experiência internacional tem demonstrado que a presença do AIV em um país provoca queda elevada no consumo interno e nas exportações de produtos avícolas (FACHINELLO; FILHO, 2010).

Pratt e Falconi (2007) estimaram as perdas econômicas na América Latina em dois cenários, no primeiro o sistema nacional de saúde animal não está preparado para isolar e erradicar o vírus, assumindo que o impacto de um surto HPAI depende da rapidez de controle da infecção e quão amplamente o vírus se dissemina, o surto teria o seguinte impacto:

1. Redução de 17,5% na população avícola da região.
2. Perda da participação no mercado mundial e queda no preço das aves domésticas nos países exportadores.
3. Queda de 20% em níveis normais na demanda por produtos de aves de com um declínio mais acentuado nas áreas urbanas.
4. Desaceleração da atividade em outros setores da economia, devido à queda na produção avícola.
5. Aumento da produção de outras carnes à medida que há redução do consumo de carne de aves.

Nesse cenário, o surto custaria US\$ 6,8 bilhões para a América Latina, o que representa 0,39% do PIB regional e cerca de 5,8% do PIB agrícola. A economia brasileira seria mais duramente atingida, com quase um ponto percentual do PIB, seguido pelos países andinos e centro-americanos (PRATT; FALCONI, 2007).

No segundo cenário, assume-se que o país afetado está equipado para detectar e conter com sucesso o vírus, minimizando custos e potenciais danos ao setor avícola e à economia em geral. Este cenário simula consequências equivalentes às do surto de 2004 no Japão, onde 275.000 aves morreram ou foram sacrificadas. O Japão erradicou o vírus em 3,5 meses devido ao despovoamento de instalações infectadas, ao controle de movimentos em torno dessas premissas, à vigilância rigorosa e a um sistema de alerta precoce. Haveria apenas uma queda de 8% no consumo da carne de aves com relação a um ano normal e o efeito sobre o resto da economia seria insignificante. Nesse segundo cenário um surto de HPAI custaria à América

Latina US\$ 742 milhões, 0,04% do PIB regional e 0,63% do PIB agrícola. Também o Brasil sofreria maiores prejuízos, mas apenas 0,1% do PIB, um décimo do cenário um (PRATT; FALCONI, 2007).

O primeiro cenário é um caso extremo e para isso não ocorrer é necessário o investimento em coordenação para preparação e prevenção, reforço dos sistemas de vigilância e alerta precoce, controle de surto e de erradicação de vírus. A América Latina, como um todo, precisaria investir US\$ 247 milhões para preparar seus sistemas de saúde animal para um surto de HPAI. O Brasil e o México representam cerca de 40% do investimento total. Somente esses dois países precisariam investir cerca de US\$ 100 milhões. Comparando as necessidades de investimento por região, excluindo-se o Brasil e o México, os países andinos teriam que investir US\$100 milhões; enquanto os países do Cone Sul, da América Central e do Caribe precisariam investir US\$ 16 milhões, US\$ 19 milhões e US\$ 18 milhões, respectivamente (PRATT; FALCONI, 2007).

No Brasil, Fachinello e Filho (2010), após simulações com três cenários diferentes, concluíram que a ocorrência de surtos próximos a regiões produtoras e exportadoras tendem a gerar maiores restrições sanitárias sobre as vendas externas. Para os principais estados exportadores do Brasil, isso se reflete em menor demanda internacional e, por consequência, na queda da produção local.

## 6 SURTOS NA AMERICA LATINA

Desde 2014, vários surtos de cepas HPAI têm sido relatados nos Estados Unidos, concentrados nas rotas migratórias do Pacífico, Mississippi e Central. Essas rotas são no eixo norte-sul e envolvem toda a América Latina. Apenas em 2002, foi relatado o primeiro surto HPAI da América do Sul no Chile pelo subtipo H7N3, o qual emergiu de um vírus de baixa patogenicidade (HURTADO; VANSTREELS, 2016).

Desde junho de 2012, o México vem notificando surtos causados por uma cepa H7N3 do vírus e sofrendo com o abate sanitário de milhões de aves. Entre 2014 e 2017 foram sete eventos notificados a OIE do subtipo H7N3. Nesse período não foram reportados eventos de cepas H5 e H7 HPAI em outros países da América Latina (OIE, 2017).

Há uma falta de estudos de vigilância de aves selvagens migratórias na América Latina. Entre 2006 e 2016, os países com maior número de publicações foram o Brasil, Argentina e o Peru (Figura 4). Os estudos publicados identificaram 56 isolados virais de aves selvagens na América do Sul. Os subtipos de HA mais frequentemente identificados são H13 (18,2%), H3 (14,5%) e H6 (12,7%), enquanto que N2 (28,8%) e N9 (26,9%) são os subtipos de NA mais comuns. Somente os subtipos H8, H14, H15 e H16 e o subtipo N4 ainda não foram registrados em aves selvagens na América do Sul, pois geralmente são raros (HURTADO; VANSTREELS, 2016).

Os estudos sobre ecologia e epidemiologia desses vírus da influenza na América do Sul são poucos e fragmentados, mesmo sendo um dos patógenos mais estudados no mundo. Os achados atuais seguem os padrões epidemiológicos que foram documentados em outros continentes, como o papel desempenhado pelas aves das Ordens *Anseriformes* e *Charadriiformes* como reservatórios naturais. A prevalência do vírus em estudos sul-americanos parece ser notavelmente inferior ao observado em outros continentes, o que pode indicar que a América do Sul apresente diferentes características que modulam a epidemiologia da doença de maneira única (HURTADO; VANSTREELS, 2016).



Figura 4 - Distribuição geográfica de estudos sobre a ocorrência de AIIV em aves selvagens na América do Sul entre 2006 e 2016. Os estudos são representados em círculos azuis, sendo os tamanhos proporcionais ao tamanho das amostras examinadas e as cruzes vermelhas indicam os locais onde as cepas foram confirmadas / isoladas. Fonte: Hurtado; Vanstreels, 2016.

## **7 CONCLUSÃO**

São escassos os trabalhos sobre influenza aviária na América Latina, mesmo a presença do vírus sendo uma realidade no continente, com identificação de cepas de alta e de baixa patogenicidade. São necessárias maiores informações sobre o vírus e sobre a sua epidemiologia na região. Da mesma forma, o interesse por ações de vigilância e de prevenção são importantes para evitar a ocorrência de surtos da doença nos países do continente e também para diminuir os impactos econômicos caso estes ocorram.

## REFERÊNCIAS

- ALEXANDER, D. J. An overview of the epidemiology of avian influenza. **Vaccine**, v. 25, n. 30, p. 5637–5644, 2007.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PROTEÍNA ANIMAL (ABPA). Relatório Anual. 2016. Disponível em: <[http://abpabr.com.br/storage/versao\\_final\\_para\\_envio\\_digital\\_1925a\\_final\\_abpa\\_relatorio\\_anual\\_2016\\_portugues\\_web1.pdf](http://abpabr.com.br/storage/versao_final_para_envio_digital_1925a_final_abpa_relatorio_anual_2016_portugues_web1.pdf)>. Acesso em: 15 out. 2017.
- BOERE, G.; STROUD, D. The flyway concept: what it is and what it isn't. **Waterbirds Around the World**, p. 40–47, 2006.
- BRASIL. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. Plano de Contingência para Influenza Aviária e Doença de Newcastle. 2013. Disponível em: <[http://www.agricultura.gov.br/assuntos/sanidade-animal-e-vegetal/saude-animal/arquivos-das-publicacoes-de-saude-animal/plano-de-contingencia-versao\\_1\\_4.pdf/view](http://www.agricultura.gov.br/assuntos/sanidade-animal-e-vegetal/saude-animal/arquivos-das-publicacoes-de-saude-animal/plano-de-contingencia-versao_1_4.pdf/view)>. Acesso em: 15 out. 2017.
- CABEDELLO, P. B. Relatório anual de rotas e áreas de concentração de aves migratórias no Brasil. **CEMAVE/ ICMBio**, 2014. Disponível em: <[http://www.icmbio.gov.br/portal/images/stories/DCOM\\_Miolo\\_Rotas\\_Migratorias\\_2016\\_final.pdf](http://www.icmbio.gov.br/portal/images/stories/DCOM_Miolo_Rotas_Migratorias_2016_final.pdf)> Acesso em: 20 dez. 2017.
- CATTOLI, G.; MONNE, I. Avian influenza virus. In: LIU, D. L. (Ed.). *Molecular Detection of Foodborne Pathogens*. **CRC Press**, p. 49–62, 2009.
- COLVILLE, Joann; BERRYHILL, David. **Handbook of zoonoses: identification and prevention**. Elsevier Health Sciences, 2007.
- CORNELL UNIVERSITY. All About Birds: Migration. 2014. Disponível em <<http://www.birds.cornell.edu/AllAboutBirds/studying/migration/>> Acesso em: 20 dez. 2017.
- FACHINELLO, A. L.; FILHO, J. B. S. F. Gripe Aviária no Brasil: uma análise econômica de equilíbrio geral. **RESR**, v. 48(03), p. 539-566, 2010.
- FOURMENT, M.; DARLING, A. E.; HOLMES E. C. The impact of migratory flyways on the spread of avian influenza virus in North America. **BMC Evolutionary Biology**, v. 17, n. 1, p. 1, 2017.
- GUO *et al.*, The quail and chicken intestine have sialyl-galactose sugar chains responsible for the binding of influenza A viruses to human type receptors. **Glycobiology**, v. 17, n. 7, p. 713–724, 2007.
- HERFST, S. *et al.* Airborne Transmission of Influenza A/H5N1 Virus Between Ferrets. **Science**, v. 336(6088), p. 1534–1541, 2012.
- HURTADO, R.; VANSTREELS, R. E. T. Avian Influenza in Wild Birds from South America: Review, Implications and Perspectives. **Exploratory Research and Hypothesis in Medicine**, v.1, p. 62-74, 2016.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMCBIO). Relatório anual de rotas e áreas de concentração de aves migratórias no Brasil. **CEMAVE/ICMBio**, p. 87, 2016.

KAWAMOTO *et al.* Investigation of influenza in migrating birds, the primordial reservoir and transmitters of influenza in Brazil. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 36, p. 88-93, 2005.

KILPATRICK, A. M. *et al.* Predicting the global spread of H5N1 avian influenza. **National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 103, n. 51, p. 19368–19373, 2006.

KIM, C.S. Highly pathogenic avian influenza. 2006. Disponível em: <[http://www.oie.int/wahid-rod/public.php?page=single\\_report&pop=1&reportid=4514](http://www.oie.int/wahid-rod/public.php?page=single_report&pop=1&reportid=4514)> Acesso em: 15 nov. 2017.

MARTINS, P. C. Impacto econômico da Influenza Aviária no setor avícola. 2012. Disponível em: <[http://www.avisite.com.br/cet/img/20120210\\_iImpacto\\_economico\\_IA%20.pdf](http://www.avisite.com.br/cet/img/20120210_iImpacto_economico_IA%20.pdf)> Acesso em: 21 nov. 2017.

MATROSOVICH, M. N.; KRAUSS, S.; WEBSTER, R. G. H9N2 influenza A viruses from poultry in Asia have human virus-like receptor specificity. **Virology**, v. 281(2), p. 156-62, 2001.

MONNE *et al.* Emergence of a highly pathogenic avian influenza virus from a low-pathogenic progenitor. **Virol.**, v. 88, p. 4375-4388, 2014.

MORAES, H. L. S. ; SALLE, T. P., Influenza aviária, *In*: Berchieri, A. J., **Doença das Aves**, 2 ed., São Paulo, FACTA, 2015, cap. 5.3, p. 611-629.

MUNSTER, V. J.; FOUCHIER, R. A. M. Avian influenza virus: of virus and bird ecology. **Vaccine**, v. 27, n. 45, p. 6340–6344, 2009.

NEUMANN G.; NODA, T.; KAWAOKA, Y. Emergence and pandemic potential of swine-origin H1N1 influenza virus. **Nature**, v. 459(7249), p. 931–939, 2009.

NEWTON, I. The ecology of bird migration patterns. BOU Proceedings - The Ecology and Conservation of Migratory Birds, Leicester, Reino Unido, 2011.

PRATT, Alejandro Nin; FALCONI, César. Potential Economic Impact of Avian Influenza on the Latin American and Caribbean Poultry Sector. **Publication of the Inter-American Development Bank**, 2007.

RICHARD, M.; de GRAAF, M.; HERFST, S. Avian influenza A viruses: from zoonosis to pandemic. **Future Virol.**, v. 9(5), p. 513–524, 2014.

ROCHE, B. *et al.* Water-borne transmission drives avian influenza dynamics in wild birds: The case of the 2005-2006 epidemics in the Camargue area. **Infection, Genetics and Evolution**, v. 9, n. 5, p. 800–805, 2009.

SLEMONS, Richard D.; SWAYNE, David E. Using mean infectious dose of high-and lowpathogenicity avian influenza viruses originating from wild duck and poultry as one



measure of infectivity and adaptation to poultry. **Avian diseases**, v. 52, n. 3, p. 455-460, 2008.

SOUSA *et al.* Presence of antibodies against H5, H7 and H9 influenza A virus in wild birds in the State of São Paulo, Brazil. **Brazilian Journal of Poultry Science**, v.15, n.3, p. 169-286, 2013.

STALLKNECHT, D. E., *et al.* Persistence of Avian Influenza Viruses in Water. **Avian Diseases**, v. 34, n. 2, p. 406–411, 1990.

TONG, S. *et al.* A distinct lineage of influenza A virus from bats. **National Academy of Sciences**, v. 109, n. 11, p. 4269– 4274, 2012.

TONG, S. *et al.* New world bats harbor diverse influenza A viruses. **PLoS Pathogens**, v. 9, n. 10, 2013.

WEBSTER, *et al.* Evolution and ecology of influenza A viruses. **Microbiological Reviews**, v. 56, n. 1, p. 152– 179, 1992.

WETLANDS INTERNATIONAL. What are flyways?. Disponível em: <<http://wpe.wetlands.org/Iwhatfly>> Acesso em: 26 dez. 2017.

WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH (OIE), 2017. Disponível em: <<http://www.oie.int/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2014/>> Acesso em: 14 dez. 2017.