

ARAÚJO, J.; PETRY, M.V.; FABRICIO, T.; WALKER, D.; OMETTO, T.; M. THOMAZELLI, L.M.; SCHERER, A.L.; SERAFINI, P. P.; NETO, I.S.; KRAUSS, S.; WEBSTER, R.G.; WEBBY, R.J.; DURIGON, E.L. Aves migratórias no sul do Brasil são uma fonte de vários subtipos de vírus da gripe aviária. **Influenza Other Respi Viruses**, v. 12, p. 220-231, 2018.

Antecedentes: Não há conhecimento suficiente sobre a relação do vIA com aves migratórias na América do Sul.

Assim, estudamos amostras obtidas durante um período de 4 anos (2009-2012) de aves silvestres em um importante local de invernada no sul do Brasil (Parque Nacional da Lagoa do Peixe).

Métodos: Obtivemos 1212 amostras de orofaringe/cloacal de aves silvestres no Parque Nacional da Lagoa do Peixe e as triamos para o vírus influenza A por amplificação RT-PCR do gene da matriz. Isolados virais foram submetidos a sequenciamento genômico e caracterização antigênica.

Resultados: Quarenta e oito amostras de 1.212 (3,96%) continham RNA do vírus influenza detectável. Sequências virais parciais foram obtidas de 12 dessas amostras, mostrando a presença dos vírus H2N2 (1), H6Nx (1), H6N1 (8), H9N2 (1) e H12N5 (1). Como os **vírus H6** predominaram, geramos genomas completos de todos os 9 vírus H6. **As análises filogenéticas mostraram que eles eram mais semelhantes aos vírus da linhagem sul-americana.** Os vírus H6N1 não causaram sinais de doença em furões infectados e, apesar das diferenças genéticas, eram antigenicamente semelhantes aos isolados norte-americanos.

Conclusões: O Parque Nacional da Lagoa do Peixe é uma fonte de múltiplos subtipos de AIV, com os níveis de vírus influenza em aves sendo mais altos no final do período de invernada nesta região.

Os vírus H6N1 foram o subtipo predominante identificado. **Esses vírus eram mais semelhantes aos vírus da linhagem sul-americana do que aos da linhagem norte-americana.**