

WILLE, M.; GRILLO, V.; PEDROSO, S.B.G.; BURGESS, G.W., CRAWLEY, A.; ICKASON, C.; HANSBRO, P.M.; HOQUE, M.A.; HORWOOD, P.F.; KIRKLAND, P.D.; KUNG, N.Y.; LYNCH, S.E.; MARTIN, S.; MACARTHUR, M.; O'RILEY, K.; LEIA, A.J.; WARNER, S.; HOYE, B.J.; LISOVSKI, S.; LEEN, T.; HURT, S.C.; BUTLER, J.; BROZ, I.; DAVIES, K.R.; MILETO, P.; NEAVE, M.J.; VICKY STEVENS, V.; ANDREW C. BREED, A.C.; LAM, T.T.; HOLMES, E.C.; KLAASSEN, M.; WONG, F.Y. Austrália como um sumidouro global para a diversidade genética do vírus da gripe aviária A. **PLOS Pathogens** | <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1010150> May 10, 2022

A maior parte de nossa compreensão da ecologia e evolução da IA. Um vírus (vIA) em aves silvestres é derivado de estudos conduzidos no hemisfério norte em aves aquáticas, com uma tendência substancial para os patos em incubação.

No entanto, as condições ambientais relevantes e os padrões de migração e reprodução das aves são substancialmente diferentes no hemisfério sul.

Através do sequenciamento e análise de 333 genomas únicos de AIV coletados de aves selvagens ao longo de 15 anos, mostram que a Austrália é um sumidouro global para a diversidade de AIV e não está integralmente ligada ao pool genético da Eurásia.

Em vez disso, os AIV são raramente introduzidos na Austrália, seguidos por décadas de circulação isolada e eventual extinção.

O número de linhagens virais cocirculantes varia por subtipo. Subtipos de hemaglutinina (HA) AIV que raramente são identificados em locais de estudo centrados em patos (H8-12) tiveram mais introduções detectadas e linhagens cocirculantes contemporâneas na Austrália.

Combinados com a falta de migração de patos além da região da Papua-Australiana, esses achados sugerem introduções por aves limícolas migratórias de longa distância.

Além disso, nos dados disponíveis, não encontramos evidências de padrões direcionais ou consistentes no movimento do vírus no continente australiano.

Esta característica corresponde aos padrões de movimento das aves, em que as aves aquáticas têm distribuições nômades e erráticas dependentes da chuva, em vez de rotas migratórias intra-continentais consistentes.

Finalmente, detectamos altos níveis de rearranjo de segmentos gênicos do vírus, com alta diversidade de constelações do genoma do AIV ao longo dos anos e locais. Estes dados, na América do Sul, mostram claramente que os padrões da dinâmica do AIV no Hemisfério Sul são distintos daqueles no norte temperado.

Resumo do autor

Como resultado do crescimento constante da indústria avícola é o aumento global dramático na incidência de surtos do vírus da influenza aviária de alta patogenicidade.

Em contraste, acredita-se que as aves selvagens sejam o principal reservatório do vírus da gripe aviária tipo A de baixa patogenicidade.

Devido à intensa pesquisa e vigilância do AIV em aves aquáticas no Hemisfério Norte, temos uma melhor compreensão da ecologia e evolução do vIA naquela região em comparação com o Hemisfério Sul, que é caracterizado por diferentes padrões de migração aviária e condições ecológicas.

Analisamos 333 genomas únicos de vIA coletados de aves selvagens na Austrália para entender como a Austrália se encaixa na dinâmica global de vIA e como os vírus são mantidos e dispersos no continente australiano.

Aqui esclarecemos que esses vírus não são necessariamente rearranjos intercontinentais recentes, mas pertencem a linhagens pré-estabelecidas na Austrália.

Para uma resposta apropriada a surtos e desenvolvimento de políticas de biossegurança, é crucial atribuir com precisão a fonte de vIA detectada em aves domésticas ou selvagens como potenciais novas introduções de vírus "exóticos" ou seus derivados recombinantes, especialmente na presença de linhagens promíscuas de recombinação, como o clado 2.3 .4.4 HPAIV H5Nx associado a epidemias atuais no Hemisfério Norte que podem ter consequências devastadoras para a indústria avícola local.

Isso, combinado com o papel potencial das aves limícolas na introdução de linhagens de vIA na Austrália, tem implicações para a vigilância de vIA de aves selvagens e avaliações de risco para aves selvagens, aves domésticas e saúde humana.

Em suma, revelamos que a evolução do AIV na Austrália difere dos padrões encontrados no hemisfério norte. Isso reflete as diferenças nas condições ambientais que influenciam a ecologia das aves, principalmente na competência do hospedeiro do vIA e nos padrões de movimento, e considerados em conjunto devem ser integrados em avaliações de risco aprimoradas de potencial propagação do AIV em aves e na distribuição de linhagens exóticas ou potencialmente zoonóticas do AIV na Austrália.

MASAI MIZUNO ISHIZUKA