

CALIENDO, V.; LEWIS, N.S.; POHLMANN, A.; BAILIE, 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.; PULMÃO, O.; ROBERTSON, G.; VAN DER JEUGD, H.; ALKIE, T.N.; THORUP, K.; VAN TOOR, M.L.; WALDENSTROM, J.; YASON, C.; T. KUIKEN, T.; BERHANE, Y. Disseminação transatlântica da gripe aviária altamente patogênica H5N1 por aves selvagens da Europa para a América do Norte em 2022. **Scientific Reports**, <https://doi.org/10.1038/s41598-022-13447-z>

RESUMO

Vírus altamente patogênicos da IA (HPAI) da linhagem A/Goose/Guangdong/1/1996 (GsGd), que ameaçam a saúde de aves domésticas, animais selvagens e humanos, estão se disseminando pela Ásia, Europa, África e América do Norte e atualmente estão ausentes da América do Sul e Oceania.

Em dezembro de 2021, vírus H5N1 HPAI foram detectados em aves domésticas e em uma gaivota de vida livre em St. John's, Newfoundland and Labrador, Canadá.

Nossa análise filogenética mostrou que esses vírus estavam mais intimamente relacionados aos vírus HPAI GsGd circulando no noroeste da Europa na primavera de 2021. Nossa análise da migração de aves selvagens sugeriu que esses vírus podem ter atravessado o Atlântico via Islândia, Groenlândia/Ártico ou rotas pelágicas.

Obs. rotas pelágicas são as rotas oceânicas onde, normalmente, vivem seres vivos que não dependem dos fundos marinhos. Trata-se de um ambiente ecológico de águas oceânicas abertas, acima do ambiente bentônico dos fundos dos mares habitados principalmente por seres planctônicos e nectônicos. São dependentes das características das massas de água mais adequados ao seu ciclo de vida e cone-hecidos como seres pelágicos.

CONCLUSÕES

Os vírus HPAI H5N1 detectados na América do Norte em novembro e dezembro de 2021 são originários do noroeste da Europa e pertencem ao clado 2.3.4.4b do HPAI. Muito provavelmente, esses vírus surgiram no noroeste da Europa no inverno de 2020/2021, se dispersaram da Europa no final do inverno ou início da primavera de 2021 e chegaram à América do Norte no outono de 2021.

Os vírus podem ter sido transportados através do Atlântico por aves migratórias usando rotas diferentes, incluindo rotas islandesas, groenlandesas/árticas ou pelágicas.

A presença extraordinariamente alta do vírus nas populações de aves selvagens europeias no final do inverno e na primavera de 2021, bem como o maior envolvimento de cracas e gansos selvagens na epidemiologia da HPAI na Europa desde outubro de 2020, pode explicar por que a disseminação para a América do Norte aconteceu neste inverno (2021/2022), e não nos invernos anteriores.

A incursão desses vírus HPAI, que parecem estar bem adaptados a certas aves silvestres, levantou preocupação em sua primeira detecção sobre o potencial do vírus HPAI de se estabelecer e se disseminar nas Américas por meio de aves silvestres (referência OFFLU). A preocupação era que, se esses vírus se estabelecessem na rota migratória do Atlântico, eles poderiam se disseminar rapidamente para o oeste pelas rotas do Mississippi, Central e do Pacífico.

A implicação desse cenário seria de alta mortalidade em aves silvestres, risco de incursão em propriedades avícolas e de outras aves em cativeiro, bem como risco zoonótico. De fato, a partir de 4 de abril de 2022, esse vírus foi detectado em aves selvagens em três rotas aéreas na América do Norte e a doença em bandos de aves comerciais e/ou de fundo de quintal foi detectada em 3 províncias canadenses e 24 estados dos EUA (<https://www.usgs.gov/centers/nwhc/science/distribution-highly-pathogenic-avian-influenza-north-america-20212022>).

Eventos de mortalidade em larga escala não foram relatados em aves selvagens, com a maioria das aves selvagens positivas detectadas por meio de testes de aves coletadas por caçadores ou testes de aves mortas individuais (<https://www.aphis.usda.gov/aphis/ourfocus/animalhealth/animal-disease-information/avian/avian-influenza/hpai-2022/2022-hpai-wild-birds>).

PREVENÇÃO E MITIGAÇÃO DE RISCO DE PROPAGAÇÃO VIRAL: medidas de natureza essencial para intensificar a vigilância de aves selvagens na América do Norte e América do Sul, bem como nas invernações de migração na Islândia e na Groenlândia. Isso deve incluir a detecção de vírus com sequenciamento do genoma completo para permitir a epidemiologia molecular.

A coleta de relatórios de mortalidade de aves selvagens pode dar uma ideia do impacto do surto nas populações locais de aves selvagens, e a vigilância ativa é fundamental para identificar espécies de reservatórios.

A sobreposição de movimentos migratórios de aves aquáticas selvagens ao longo da costa atlântica da América do Norte com áreas avícolas densamente povoadas pode aumentar o risco de incursão viral em granjas avícolas, enfatizando a necessidade de medidas apropriadas de biossegurança e planejamento espacial do setor avícola e é um apelo para reavaliar o setor avícola de uma forma que adote a perspectiva One Health: equilibrar e otimizar de forma sustentável a saúde de pessoas, animais e ecossistemas (<https://www.who.int/groups/one-painel-de-especialistas-de-alto-nivel-em-saude>).