

CALLE-HERNÁNDEZ, D.M.; HOYOS-SALAZAR, V.; BONILLA-ALDANA, D.K. Prevalência do vírus influenza H5N8 em aves: revisão sistemática com meta-análise. **Travel Medicine and Infectious Disease**, v 51, jan-fev 2023, 102490

**Introdução:** vírus da IA são membros da família Orthomyxoviridae, considerados altamente patogênicos (HPAI). Resultam de variações genéticas de seus predecessores de baixa virulência. HPAI é um problema global.

Grandes surtos de HPAI têm impactos econômicos e de saúde significativos.

**Objetivo:** O objetivo deste estudo foi avaliar a prevalência do vírus Influenza H5N8 em aves, bem como avaliar sua variabilidade de acordo com os países e anos.

**Métodos:** Foi realizada revisão sistemática da literatura em seis bases de dados (Web of Sciences, Scopus, PubMed, SciELO, Lilacs e Google Scholar) para avaliar a proporção de aves infectadas pelo vírus Influenza H5N8, por técnicas moleculares e imunológicas.

Uma meta-análise foi realizada usando um modelo de efeitos aleatórios para calcular a prevalência agrupada, intervalos de confiança de 95% (IC 95%). Um nível alfa de 5% de 2 caudas foi usado para teste de hipótese. Medidas de heterogeneidade foram estimadas e relatadas, incluindo a estatística Cochrane Q, o índice I<sup>2</sup> e o teste tau-quadrado.

**Resultados:** 152 grupos de dados foram analisados, uma prevalência combinada de 1,6% (95% CI 1,3–1,9%) foi encontrada para estudos moleculares, e o estudo ELISA produziu uma soroprevalência de 66,7%; esses resultados de **detecção molecular variaram por ano, de 0,2% em 2014 a 96,9% em 2015 e 52,6% em 2020.**

**Conclusão:** A prevalência combinada foi substancial porque grandes surtos causaram graves repercussões econômicas.

A migração das aves que fazem seu percurso em diferentes áreas e períodos são um foco aberto para a disseminação do vírus. **Cerca de 500 a 1000 milhões de indivíduos com mais de 42 espécies na América Latina apontam para os trópicos americanos, onde permanecem por cerca de 7 a 8 meses.**

Esses indivíduos são provenientes de países com maior possibilidade de apresentar a infecção e com grande variabilidade genética do vírus.

As aves aquáticas são consideradas reservatórios de vírus da gripe aviária que podem causar a transmissão ocasional para aves em todo o mundo.

A meta-análise atual encontrou uma prevalência combinada de 1,6%; esse resultado variou por anos, de 0,2% em 2014 para 96,9% em 2015 e para 52,6% em 2020. Portanto, considerando o número de aves avaliadas, esses achados devem ser considerados relevantes.

Os recentes surtos do subtipo H5 de gripe aviária de alta patogenicidade em diferentes províncias da Polónia consideram que a transmissão é de origem humana, com vestuário e calçado contaminados, tendo em conta que talvez não tenha havido contacto direto entre as diferentes aves das explorações desta província. Portanto, tais surtos são considerados um risco latente para a saúde pública.

Os presentes resultados demarcaram a presença marcante do H5N8 em espécies como *Gallus gallus domesticus*, *Anas crecca*, *Cygnus olor*, *Anas acuta* e *Anas platyrhynchos*, através dos 20 estudos que coletaram dados de 152 grupos de dados analisáveis que avaliaram um total de 161.804 aves, das quais 1.133 foram positivas para infecção por Influenza H5N8, 95% por RT-PCR e 5% por ELISA. Portanto, investigações adicionais e vigilância reforçada devem ser consideradas imediatamente em todos os países para evitar novos surtos.

No caso do H5N8, duas grandes epidemias devido a esse subtipo de influenza aviária altamente patogênico e o H5N1 em aves domésticas foram relatadas na França, 2020–2022. Houve 468 surtos relatados durante a epidemia de 2020–21 e 1375 surtos durante a epidemia de 2021–22. A vigilância aprimorada e integrada em animais e humanos é importante para a gripe aviária e a preparação para possíveis surtos, epidemias e pandemias também é necessária.

Masaio Mizuno Ishizuka