

## **Influenza aviária: revisão de literatura**

**Evelin Santos da Silva<sup>1</sup>, Jamile Cardoso da Silva<sup>1\*</sup>, Leticia Valentim Nunes<sup>1</sup>, Léslie Maria Domingues<sup>2</sup>, Marília Rossi Padula<sup>3</sup>, Yasmin Lucena Silva<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Graduandas do curso de Medicina Veterinária do Centro Universitário Nossa do Patrocínio (Ceunsp), Salto, São Paulo, Brasil.

<sup>2</sup>Professora orientadora, Centro Universitário Nossa do Patrocínio (Ceunsp). E-mail: leslie.domingues@ceunsp.edu.br

<sup>3</sup>Coorientadora, Centro Universitário Nossa do Patrocínio (Ceunsp). E-mail: marilia@ceunsp.edu.br

\*Autor para correspondência. E-mail: eujamilecardoso@gmail.com

**Resumo.** A influenza aviária é uma enfermidade altamente contagiosa causada pelo vírus da influenza do tipo A, que acomete principalmente aves domésticas e selvagens, podendo também afetar mamíferos. Os vírus são categorizados como de alta ou baixa patogenicidade, o que, em geral, determina se as infecções serão acompanhadas ou não de sintomas. A transmissão ocorre principalmente por meio do contato direto com secreções respiratórias de aves infectadas e objetos contaminados. É uma doença de notificação obrigatória. No presente documento se apresenta o planejamento e o desenvolvimento de um Trabalho de Conclusão de Curso que tem como objetivo descrever o histórico da influenza aviária, esclarecer os mecanismos de infecção do vírus, apontar os principais desafios globais enfrentados pela avicultura e saúde pública, e apresentar métodos eficazes de prevenção e controle da doença. Este estudo compreende uma revisão de literatura descritiva a respeito da influenza aviária, tendo sido produzido mediante levantamento bibliográfico realizado através de revistas acadêmicas e científicas disponíveis em bases de dados on-line, como ScienceDirect, Scientific Electronic Library Online (Scielo), Scopus e Google Acadêmico, e sites oficiais de órgãos federais. Conclui-se a necessidade de uma vigilância epidemiológica robusta e de uma colaboração internacional eficaz para o monitoramento e controle do vírus, envolvendo pesquisa avançada, políticas públicas bem delineadas e conscientização global.

**Palavras-chave:** influenza, avicultura, produção, vírus

## ***Avian influenza: literature review***

**Abstract.** Avian influenza is a highly contagious disease caused by the type A influenza virus, which mainly affects domestic and wild birds, but can also affect mammals. The viruses are categorized as high or low pathogenicity, which generally determines whether or not infections are accompanied by symptoms. Transmission occurs mainly through direct contact with respiratory secretions from infected birds and contaminated objects. It is a notifiable disease. This document presents the planning and development of a Course Conclusion Paper which aims to describe the history of avian influenza, clarify the virus's infection mechanisms, point out the main global challenges facing poultry farming and public health, and present effective methods of preventing and controlling the disease. This study comprises a descriptive literature review on avian influenza and was produced through a bibliographic survey of academic and scientific journals available on online databases such as ScienceDirect, Scientific Electronic Library Online (Scielo), Scopus and Google Scholar, and official websites of federal agencies. The conclusion is that there is a need for robust epidemiological surveillance and effective international collaboration to monitor and control the virus, involving advanced research, well-defined public policies and global awareness.

**Keywords:** influenza, poultry, production, virus.

## **Introdução**

A partir da década de 70, com a inserção de empresas especializadas na produção e processamento de carne de frango, a avicultura brasileira se destacou como uma atividade econômica de relevância. Avanços tecnológicos e técnicas de produção intensiva impulsionaram esse setor, especialmente com a instituição do sistema de integração vertical na região sul do país, resultando em um crescimento notável na produção de carne e solidificando o Brasil como o terceiro maior produtor e exportador global (ZEN, 2014). Esse sucesso vem acompanhado por desafios significativos, como a persistente ameaça da influenza aviária, doença viral que afeta diversas espécies de aves e que representa uma preocupação crucial para o setor. Além dos impactos econômicos, como a redução do consumo de importantes clientes internacionais, há implicações sérias para a saúde pública devido à possibilidade de transmissão a humanos (ZEN, 2014).

Os vírus da influenza aviária (AIVs) são categorizados em dois principais grupos com base em sua patogenicidade: vírus da influenza aviária de alta patogenicidade (HPAIV) e vírus da influenza aviária de baixa patogenicidade (LPAIV). Entre as diversas cepas de HPAIV, a H5N1 destaca-se pela sua elevada virulência.

O Brasil reportou seu primeiro caso de H5N1 em maio de 2023 em duas aves marinhas da espécie *Thalasseus acuflavidus* (Trinta-reís-de-bando). O recente surto no país e a potencial possibilidade de transmissão a humanos destacam a necessidade de uma compreensão mais profunda dos mecanismos de ação do vírus e suas implicações à saúde pública. O presente estudo tem como objetivo descrever todo o histórico da influenza aviária, em especial das cepas altamente patogênicas, esclarecer os mecanismos de infecção do vírus, apontar os principais desafios globais enfrentados pela avicultura e saúde pública, e apresentar métodos eficazes de prevenção e controle da doença.

### Etiologia

Os vírus da influenza pertencem a família *Orthomyxoviridae*. Seu genoma consiste em uma molécula de RNA segmentado de fita simples e negativa. São vírus envelopados, esféricos e filamentosos com diâmetro entre 80 e 120 nm, podendo variar no comprimento. Os vírus são classificados em quatro gêneros distintos: A, B, C e D. Os vírus da influenza do tipo A são mais frequentes entre os mamíferos, havendo a possibilidade de sua circulação em diversas espécies. Os tipos B e C são normalmente causadores de doenças em seres humanos e raramente infectam outras espécies, enquanto o tipo D geralmente infecta bovinos, caprinos e suínos (SUAREZ, 2017). As aves são os reservatórios de todos os subtipos antigênicos conhecidos de influenza aviária, em especial as aquáticas, que são as hospedeiras mais frequentes dos subtipos de alta patogenicidade (MENEZES, 2017).

Os vírus do tipo A pertencem ao gênero *Alphainfluenzavirus* e têm aproximadamente 100 nm de diâmetro. Sua superfície é coberta por espículas, onde existem duas formações glicoproteicas: hemaglutinina (HA) e neuraminidase (NA). Aquela é responsável pela ligação do vírus à célula receptora e pela atividade hemaglutinante do vírus. Esta, por outro lado, é responsável pela liberação de novos vírus da célula do hospedeiro pela ação do ácido neuramínico no receptor. A alta variedade de

Comentado [CdM1]: Faltou referência

glicoproteínas é consequência das constantes mutações dos vírus. São conhecidos 16 genes da proteína hemaglutinina (H1 a H16) e nove da neuraminidase (N1 a N9).

O genoma do vírus tipo A possui oito segmentos genéticos que codificam, além das glicoproteínas HA e NA, pelo menos outras oito proteínas específicas, que desempenham papéis importantes no ciclo de vida do vírus. Essas proteínas incluem: polimerase básica 1 (PB1), polimerase básica 2 (PB2), polimerase ácida (PA), nucleoproteína (NP), proteína da matriz 1 (M1), proteína da matriz 2 (M2) e proteínas não estruturais NS1 e NS2 (CHAROSTAD *et al.*, 2023).

A classificação do vírus baseada em sua patogenicidade, em geral, determina se as infecções serão acompanhadas de sintomas ou se permanecerão na sua forma subclínica. Aves acometidas pelos subtipos de alta patogenicidade normalmente apresentam sinais clínicos mais graves, enquanto animais infectados pelos vírus de baixa patogenicidade costumam apresentar sinais mais brandos ou até mesmo não apresentar sintomas. Os subtipos H5 e H7 podem ser classificados em HPAI e LPAI, enquanto os subtipos H1 a H4, H6 e H8 a H16 são classificados em LPAI (CHAROSTAD *et al.*, 2023).

### **Patogenia**

Conhecer as propriedades biológicas da patogenia do vírus, seu subtipo e a espécie do hospedeiro podem não ser o suficiente para determinar se a doença irá se manifestar de forma leve ou severa. Isso porque a patogenia do vírus da influenza é extremamente variável e não pode ser prevista. Os subtipos H5 e H7 de influenza aviária são normalmente associados com doença grave em galinhas, perus e patos. No entanto, os mesmos subtipos já foram relatados causando doença leve nessas mesmas espécies, mostrando que a configuração antigênica sozinha não determina a patogenia. Como de qualquer outro vírus, a patogenia depende da interação do vírus com cada hospedeiro (CARON *et al.*, 2023).

O primeiro estágio da replicação viral depende de um processo espontâneo chamado de adsorção, que determina a afinidade do vírus por uma espécie animal. A ligação do vírus à célula do hospedeiro depende da afinidade dos receptores do envelope viral com os anti-receptores da célula hospedeira. Essa compatibilidade determina para os vírus da influenza a barreira interespécies, limitando a infecção dos vírus aviários às aves, dos humanos aos humanos e assim sucessivamente (SILVA *et al.*, 2023). No vírus da influenza, a glicoproteína hemaglutinina determina a ligação e a fusão da partícula viral ao receptor de ácido siálico presente na membrana celular do hospedeiro. A presença da glicoproteína na superfície viral é o primeiro determinante da patogenicidade do vírus da influenza. A hemaglutinina é clivada por proteases orgânicas em subunidades H1 e H2, que quebram um sítio específico da glicoproteína e permitem a sua alteração conformacional e assim a fusão na membrana da célula (PUENTE, 2023).

A extensão da replicação viral é determinada pela habilidade das proteases das células do hospedeiro em detectar o sítio da hemaglutinina para realizar a clivagem. Quanto maior a quantidade de células hospedeiras realizando a clivagem, maior será a chance de infecção no hospedeiro. Os vírus de

**Comentado [CdM2]:** Inserir referência

alta patogenicidade possuem sítios de clivagem multibásicos, característica que permite a clivagem intracelular, enquanto os vírus de baixa patogenia possuem um único local de clivagem. Estes necessitam de proteases presentes apenas em tecidos intestinais e respiratórios, restringindo sua replicação e patogenicidade (CHAROSTAD *et al.*, 2023). Contudo, devido a um mecanismo viral que converte a glicoproteína plasminogênio do hospedeiro na protease plasmina, permitindo uma clivagem alternativa da hemaglutinina, alguns LPAIVs podem se disseminar sistemicamente (PUENTE, 2023).

Após o processo de penetração do vírus na célula e sua replicação no núcleo celular, ocorre o brotamento dos novos RNAs e das proteínas virais. Nesse momento, a glicoproteína neuraminidase permite o rompimento das ligações da hemaglutinina dos vírus recém-formados dos receptores da membrana da célula infectada, liberando os novos vírus para infecção de outras células (CHAROSTAD *et al.*, 2023).

A NP encapsula o genoma do vírus e juntamente com as PB1, PB2 e PA, forma uma ribonucleoproteína viral (vRNP), que participa dos processos de transcrição, replicação e empacotamento de RNA. A M1 participa do processo de brotamento viral da membrana plasmática das células infectantes, além de regular o transporte de vRNP entre o citoplasma e o núcleo. A M2, por sua vez, mantém o equilíbrio do pH nos diferentes estágios do ciclo do vírus. A proteína não estrutural NS1 inibe a produção de interferon, que restringe a replicação do vírus, enquanto a proteína não estrutural NS2 facilita a exportação de vRNP (PUENTE, 2023).

## **Histórico**

Conhecida como peste aviária, a influenza aviária foi descrita pela primeira vez pelo parasitologista italiano Edoardo Perroncito, em 1878, mas teve sua etiologia atribuída a um vírus somente em 1901, por Centanni e Savunozzi (MENEZES, 2017). O maior surto de influenza aviária ocorreu em 1918 durante a Primeira Guerra Mundial, que ficou conhecido como “gripe espanhola”. A primeira onda da pandemia iniciou-se nos Estados Unidos, no campo de recrutas do exército e, dentro de um mês, se espalhou por diversos países. Os primeiros registros da segunda onda foram feitos na França e posteriormente na América do Norte e África (LEITE *et al.*, 2013).

Até 1950, diversas epidemias de baixa gravidade foram ocasionadas pelo H1N1 a partir de pequenas mutações. O primeiro surto do subtipo H5 foi registrado em 1959 entre aves de capoeira na Escócia. No sul do continente asiático, foi detectado pela primeira vez em 1996, onde causou a morte de diversos gansos e, no ano seguinte, em Hong Kong, se difundiu em mercados de aves vivas. Entre as 18 pessoas acometidas pela infecção, seis morreram. Esse evento marcou a identificação de uma cepa do vírus H5N1 em humanos.

Diferentes recombinantes de H5N1 continuaram a surgir e, em 2002, uma epidemia de gripe matou grande parte das aves domésticas e selvagens dos parques naturais de Hong Kong. Duas pessoas foram infectadas e uma morreu. Entre 2003 e 2008, a expansão geográfica de H5N1 intensificou-se, abrangendo o Sudeste Asiático, Ásia Ocidental, Norte da África e outras regiões. Em 2020, a cepa H5N1

foi identificada em populações de aves selvagens e domésticas na Europa e posteriormente se espalhou pelos continentes da África, Oriente Médio e Ásia (CHAROSTAD *et al.*, 2023). Desde 2022, a ocorrência de infecções em animais causadas por H5N1 se tornou comum e preocupante.

Através do sequenciamento de última geração e análise filogenética, pesquisadores estudaram as amostras dos casos brasileiros de 2023 e confirmaram sua proximidade com sequências do Chile e do Peru. O vírus já circulava pelos países da América do Sul desde 2021, causando mortes de aves selvagens e domésticas (REISCHAK *et al.*, 2023). Uma semana após o primeiro caso de H5N1 no Brasil, outro registro foi feito em uma ave migratória da espécie *Sula leucogaster* (Atobá-pardo) no Espírito Santo. Em outubro, o primeiro caso em mamífero foi registrado no Brasil. O vírus foi confirmado em um leão-marinho-da-patagônia (*Otaria flavescens*) encontrado na praia do Cassino, no Rio Grande do Sul. Casos em mamíferos da mesma espécie já tinham sido registrados no Peru, Chile, Argentina e Uruguai. Até dezembro de 2023, 151 casos de H5N1 foram registrados no Brasil, sendo 143 casos em aves silvestres, três casos em aves de subsistência e cinco casos em mamíferos. O consumo e a exportação de produtos avícolas não sofreram prejuízos nesse período, pois nenhuma produção comercial foi afetada. Nenhum caso foi registrado em seres humanos (MAPA, 2023).

### Epidemiologia

O vírus da influenza aviária pode causar doença em diversas espécies de aves domésticas, como galinhas, perus, patos e gansos, e em aves silvestres, como cisnes, garças e maçaricos. Aves aquáticas migratórias, em especial os patos, são os mais propensos ao vírus e geralmente não apresentam sintomas, enquanto nas aves domésticas os perus e as galinhas são os mais suscetíveis. O vírus também atinge aves de gaiola, como periquitos, papagaios e cacatuas (MENEZES, 2017).

As aves podem se infectar pelo contato direto com fezes e secreções nasais e oculares de animais contaminadas ou através de alimentos, água, fômites e pessoas. O vírus se replica preferencialmente em células do trato intestinal de patos selvagens e é excretado em altas concentrações nas fezes. A deposição de fezes contaminadas em lagos é uma forma eficiente de as aves aquáticas transmitirem o vírus. Em algumas espécies ou cepas virais, como a H5N1, a excreção via respiratória também é importante (OLIVEIRA, 2012). O vírus da influenza aviária pode sobreviver no meio ambiente, na água e em matéria orgânica por um longo período a depender das condições de temperatura e umidade, e quase que indefinitivamente em materiais **congelados** (MENEZES, 2017).

A disseminação internacional dos subtipos de influenza aviária ocorre pelas vias natural e comercial. A primeira ocorre através da migração de aves silvestres, promovendo a interação entre diferentes espécies ao longo de suas rotas, enquanto a segunda decorre do comércio de aves vivas, o que permite infecções em seu local de origem e sua dispersão para outros países. Em ambas as vias, existe a chance de rearranjos genéticos de vírus provenientes de diferentes localidades, ocasionando a disseminação de novas variantes virais para outras partes do mundo (AGUIAR, 2024).

**Comentado [CdM3]:** Inserir referência

## Desafios globais

A influenza aviária tem causado impactos globais significativos tanto no setor econômico quanto na saúde pública e ambiental (SANT'ANA *et al.*, 2023). Além das perdas econômicas, a doença representa uma ameaça potencial à saúde pública. O impacto econômico da influenza aviária depende de alguns fatores, como a espécie das aves afetadas, a quantidade de aves contaminadas e como os métodos de controle e erradicação são aplicados e a velocidade que o surto é resolvido. Surtos da doença impedem a comercialização de produtos de origem aviária apenas na região afetada do país, ficando restrita a exportação. O impacto econômico depende do tamanho da propriedade e de sua especialização ou diversificação de produtos (NETO, 2019).

A influenza aviária tem sido afetada pelas mudanças climáticas e pela globalização, impactando a propagação global do vírus. As mudanças nos padrões migratórios de aves selvagens, provocadas pelo aquecimento global, têm contribuído para novos surtos da doença em regiões que antes não eram afetadas. Além disso, o aumento das temperaturas e o nível do mar estão forçando as aves a mudarem seus hábitos, o que intensifica o contato entre espécies, facilitando a transmissão de doenças como a gripe aviária. A globalização também desempenha um papel importante, pois o comércio internacional e a movimentação de animais e produtos agrícolas aumentam o risco de disseminação do vírus para novas regiões. Isso é agravado pela intensificação das atividades humanas em áreas antes inexploradas, criando um ambiente propício para surtos em diferentes partes do mundo (METSUL, 2023).

## Medidas preventivas

A gripe aviária é uma doença séria e de alto risco para as aves quando causada por subtipos dos vírus altamente patogênicos. É necessário informar as autoridades nacionais e internacionais de saúde animal, bem como impor restrições sanitárias à comercialização de produtos avícolas, tanto no mercado interno quanto externo (SANT'ANA *et al.*, 2023).

É essencial adotar medidas rigorosas de biossegurança nas granjas e seguir boas práticas de produção para reduzir os riscos de contato e entrada de aves ou materiais infectados nos sistemas de produção de aves (THEVENARD, 2008). O médico veterinário desempenha um papel fundamental no controle das emergências sanitárias com caráter zoonótico, contribuindo para o bem-estar físico, mental e social dos seres humanos por meio do conhecimento e aplicação da ciência veterinária (MAPA, 2013).

## Perspectivas futuras

A possibilidade de mutações e o surgimento de novas cepas da influenza aviária é uma grande preocupação para os cientistas. Essas mutações podem aumentar a transmissibilidade do vírus entre espécies, incluindo humanos, e aumentar sua letalidade (SUAREZ, 2017). A comunidade global de saúde enfatiza a importância da transparência e da colaboração entre os países para evitar o desenvolvimento de uma cepa **pandêmica** (CHENLIN, 2023).

**Comentado [CdM4]:** Inserir referência

O desenvolvimento de vacinas contra a influenza aviária enfrenta desafios significativos devido à alta taxa de mutação do vírus, especialmente as cepas H5 e H7. A dificuldade está na criação de uma vacina que possa proteger contra todas as variantes do vírus. Recentemente, abordagens inovadoras, como o uso de vacinas baseadas em mRNA, têm mostrado potencial. Essas vacinas se concentram em regiões conservadas do vírus, como a proteína hemaglutinina e o canal iônico M2, que mudam menos entre as diferentes cepas. Estudos sugerem que essas vacinas poderiam conferir proteção não apenas contra cepas específicas, mas contra um espectro mais amplo de influenzas aviárias e até de outras espécies. No entanto, uma solução totalmente eficaz que evite o "escape" viral ainda está em desenvolvimento (PUENTE, 2023).

### Considerações finais

Os surtos recentes, incluindo os do Brasil, ressaltam a necessidade de uma vigilância epidemiológica robusta e de uma colaboração internacional eficaz para o monitoramento e controle do vírus. Apenas por meio de uma abordagem integrada, envolvendo pesquisa avançada, políticas públicas bem delineadas e conscientização global, será possível minimizar o impacto da influenza aviária e prevenir futuras pandemias. O avanço no conhecimento científico sobre o vírus, combinado com a aplicação prática desse conhecimento, será fundamental para garantir um futuro mais seguro e resiliente diante dessa ameaça persistente.

Comentado [CdM5]: Trabalho ultrapassa 18 mil caracteres

### Referências

AGUIAR, R. O. P. Influenza aviária. Revista Contemporânea, vol. 4, n. 4, p. 1-29, 2024. Disponível em: <https://ojs.revistacontemporanea.com/ojs/index.php/home/article/view/3927/2980>. Acesso em: 12 de setembro de 2024.

BRASIL, Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Brasil registra primeiros casos de influenza aviária de alta patogenicidade em aves silvestre, Mapa alerta para cuidados. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2023. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/noticias/brasil-registra-caso-de-gripe-aviaria-em-aves-silvestres-mapas-alerta-para-cuidados>. Acesso em: 27 de abril de 2024.

BRASIL, Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Plano de contingência para influenza aviária e doença de Newcastle. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2013. Disponível em: [https://www.defesa.agricultura.sp.gov.br/influenza-aviaria/plano-de-contingencia/Plano-de-Contingencia-Versao-1\\_4.pdf](https://www.defesa.agricultura.sp.gov.br/influenza-aviaria/plano-de-contingencia/Plano-de-Contingencia-Versao-1_4.pdf). Acesso em: 4 de setembro de 2024.

CARON, L. *et al.* Vírus da influenza aviária de alta patogenicidade na América do Sul. **Avicultura Industrial**, ed. 1324, ano 114, n. 1, p. 28-33, 2023. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1153434>. Acesso em: 17 janeiro de 2024.

CHAROSTAD, J. *et al.* A comprehensive review of highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N1: An imminent threat at doorstep. **Travel Medicine and Infectious Disease**, v. 55, 2023. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1477893923000984>. Acesso em: 31 de janeiro de 2024.

CHENLIN, D. *et al.* An overview of avian influenza surveillance strategies and modes. *Science in One Health*, v. 2, 2023. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2949704323000379>. Acesso em: 29 de setembro de 2024.

LEITE, C. A. *et al.* Influenza A (H1N1): histórico, cenário atual e perspectivas. **Ensaios e Ciência: ciências biológicas, agrárias e da saúde**, v. 17, n. 1, p. 89-95, 2013. Disponível em: <https://ensaioseciencia.pgsskroton.com.br/article/view/1301>. Acesso em: 2 de setembro de 2024.

MENEZES, R. **Influenza aviária: situação atual no continente americano**. Tese (doutorado em Medicina Veterinária), Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2017. Disponível em: <https://lume.ufrgs.br/handle/10183/178882>. Acesso em: 14 de junho de 2024.

METSUL. Estudos mostram relação entre gripe aviária e mudanças climáticas. **METSUL**, 2023. Disponível em: <https://metsul.com/estudos-mostram-relacao-entre-gripe-aviaria-e-mudancas-climaticas/>. Acesso em: 10 de setembro de 2024.

NETO, C. S. A. **Importância econômica da política de prevenção de doenças avícolas para o Brasil: o caso da Influenza Aviária**. Tese (doutorado em Medicina Veterinária), Universidade de São Paulo, São Paulo, 2019. Disponível em: <https://teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11132/tde-21112019-171115/pt-br.php>. Acesso em: 4 de setembro de 2024.

OLIVEIRA, M. J. C. **Caracterização genética do vírus influenza a (H1N1) pdm09 e diagnóstico diferencial de casos suspeitos de influenza pandêmica, no estado de Pernambuco, no período de maio de 2009 a maio de 2010**. Tese (doutorado em Medicina Veterinária), Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2012. Disponível em: <https://repositorio.ufpe.br/handle/123456789/11107>. Acesso em: 19 de fevereiro de 2024.

PUENTE, A. P. **Interactions of avian influenza virus with the host and the environment**. Tese (doutorado em Medicina Veterinária), Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, 2023. Disponível em: [https://ddd.uab.cat/pub/tesis/2023/hdl\\_10803\\_688769/app1de1.pdf](https://ddd.uab.cat/pub/tesis/2023/hdl_10803_688769/app1de1.pdf). Acesso em: 30 de junho de 2024.

REISCHAK, D. *et al.* First report and genetic characterization of the highly pathogenic avian influenza A (H5N1) virus in Cabot's tern (*Thalasseus acuflavidus*), Brazil. **Veterinary and Animal Science**, vol. 22, 2023. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2451943X23000364>. Acesso em: 4 de junho de 2024.

SANT'ANA, D. S. et al. Prevenção da influenza aviária na avicultura brasileira: revisão de literatura. **Gestão, Tecnologia e Ciências**, v. 12, n. 42, 2023. Disponível em: <https://revistas.fucamp.edu.br/index.php/getec/article/view/3235>. Acesso em: 5 de setembro de 2024.

SILVA, A. S. *et al.* Propriedades gerais dos vírus. **Bio Collection**, p. 29-45, 2023. Disponível em: <https://books.scielo.org/id/5bhdb/pdf/lemos-9786557082119-03.pdf>. Acesso em: 17 de agosto de 2024;

- SUAREZ, D. L. Influenza A vírus. **Animal Influenza**, 2017. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1002/9781118924341.ch1>. Acesso em: 8 de maio de 2024.
- THEVENARD, B. M. **Influenza aviária: revisão**. Monografia (especialização lato sensu), Universidade Castelo Branco, Vitória, 2008. Disponível em: <https://dunapress.com/wp-content/uploads/2020/02/0A-INFLUENZA-AVIARIA.pdf>. Acesso em: 4 de setembro de 2024.
- ZEN, S. Evolução da avicultura no Brasil. **Informativo Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada**, 2014. Disponível em: <https://www.cepea.esalq.usp.br/upload/revista/pdf/0969140001468869743.pdf>. Acesso em: 22 de agosto de 2024.