

RELATÓRIO DO
PLANO DE VIGILÂNCIA

**INFLUENZA AVIÁRIA E
DOENÇA DE NEWCASTLE**

1º CICLO



Departamento de Saúde Animal - DSA
Brasília, junho de 2024

1. INTRODUÇÃO

O Departamento de Saúde Animal (DSA) do Ministério da Agricultura e Pecuária (Mapa), em 2022, revisou as estratégias de vigilância para influenza aviária (IA) e doença de Newcastle (DNC) e estabeleceu um novo plano de vigilância que tem como principal objetivo aprimorar e fomentar o sistema de vigilância para controlar, monitorar e prevenir a ocorrência dessas enfermidades no território nacional.

No contexto epidemiológico de elaboração do novo plano, a influenza aviária de alta patogenicidade (IAAP) não havia sido detectada no Brasil. Porém, em 15 de maio de 2023, o Departamento de Saúde Animal (DSA) notificou à Organização Mundial de Saúde Animal (OMSA), a primeira detecção do vírus da influenza aviária H5N1 de alta patogenicidade no Brasil, em três aves migratórias costeiras, sendo duas aves da espécie *Thalasseus acutirostris* (trinta-réis de bando) e uma ave da espécie *Sula leucogaster* (atobá-pardo). Posteriormente, em 27 de junho do mesmo ano, foi confirmada a primeira detecção do vírus da IAAP (H5N1) em uma criação de aves domésticas de subsistência no município da Serra, no estado do Espírito Santo.

A análise de sequenciamento genômico completo do vírus H5N1 clado 2.3.4.4b obtido do primeiro foco de IAAP em *Thalasseus acutirostris* (trinta-réis de bando) no Brasil apresentou relevante similaridade com os vírus H5N1 detectados no Chile, Peru e Uruguai em 2022 e 2023. Dessa forma, os dados resultantes da vigilância genômica indicam que a provável fonte de introdução do vírus no Brasil foi a migração de aves silvestres infectadas pela rota do Pacífico. Dos focos de aves domésticas de subsistência registrados até o dia 30 de junho de 2023, as análises filogenéticas dos vírus apresentaram maior similaridade do gene da hemaglutinina (99%) com cepas isoladas de H5N1 detectadas no Chile e Uruguai, assim como os isolados das aves silvestres no Brasil sugerindo que a origem da infecção das aves de subsistência foi por meio do contato de aves silvestres infectadas.

Não foi identificada no Brasil infecção pelo vírus de IAAP em criações de aves domésticas comerciais e, por esta razão, o país mantém a condição de livre de IAAP frente à OMSA.

1.1. IDENTIFICAÇÃO DOS COMPONENTES DO SISTEMA DE VIGILÂNCIA

Cada componente do sistema de vigilância compreende uma atividade utilizada para investigar a presença de agente infeccioso ou doença na população-alvo. O plano de vigilância de IA e DNC é composto por cinco componentes abaixo listados:

- **COMPONENTE 1.** Vigilância passiva em aves domésticas
- **COMPONENTE 2.** Vigilância passiva de aves silvestres
- **COMPONENTE 3.** Vigilância ativa em avicultura industrial
- **COMPONENTE 4.** Vigilância ativa em avicultura de subsistência
- **COMPONENTE 5.** Vigilância ativa em compartimentos livres de IA e DNC

A seguir são apresentados os resultados sumarizados de cada um dos componentes contemplados no Plano de vigilância de IA e DNC Ciclo - 2022/2023, que compreendeu atividades realizadas no período de julho de 2022 a junho de 2023.

O relatório completo do Plano de vigilância de IA e DNC Ciclo - 2022/2023 será publicado na página oficial do Mapa.



COMPONENTE 1 - VIGILÂNCIA PASSIVA EM AVES DOMÉSTICAS

No período de avaliação, o Serviço Veterinário Oficial (SVO) realizou 886 investigações clínicas e epidemiológicas de casos suspeitos de síndrome respiratória e nervosa das aves (SRN)

em aves domésticas em todo território nacional, sendo 125 das investigações classificadas como casos prováveis (nas quais houve coleta de amostras para IA e DNC) e 761 categorizadas como suspeitas descartadas.

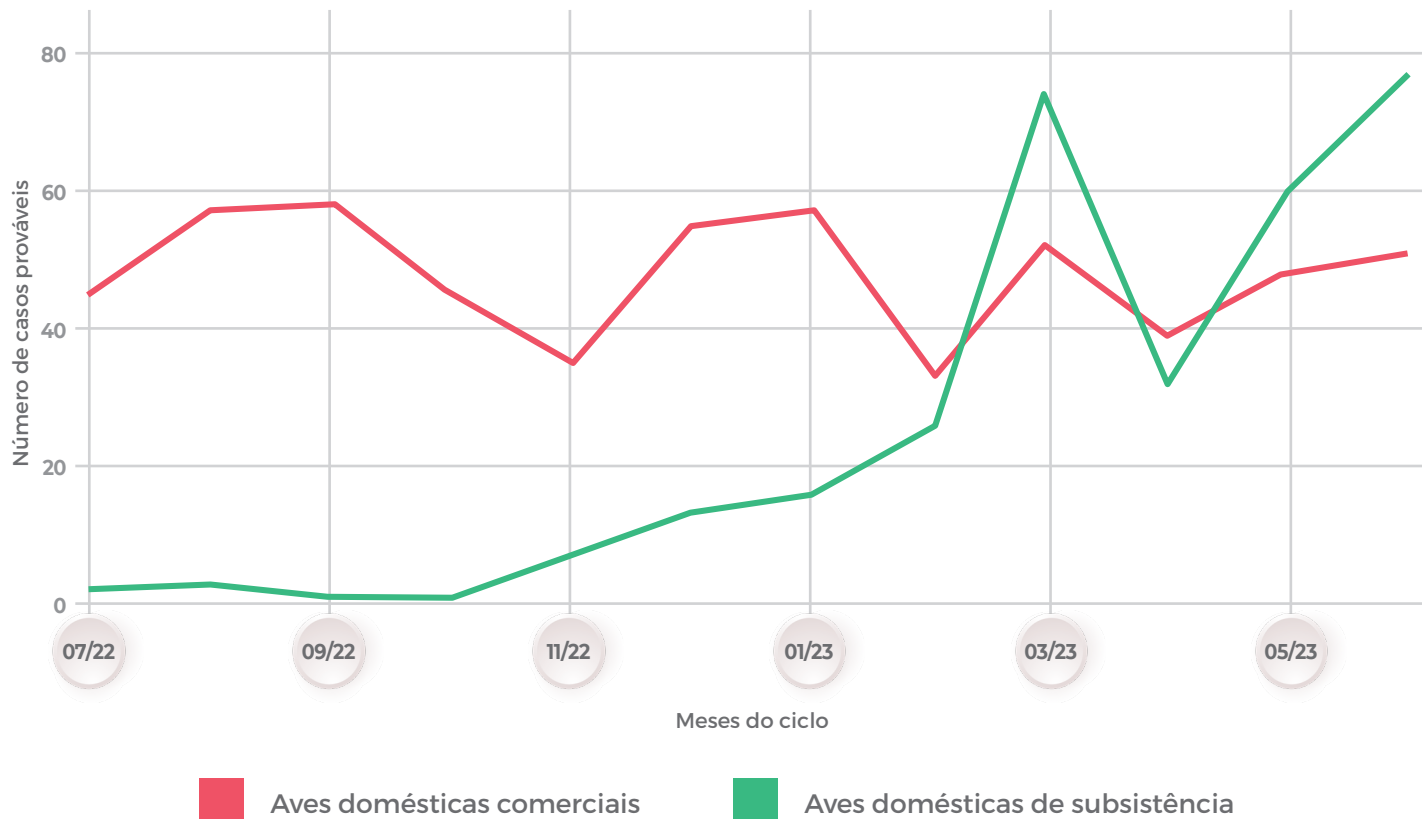


Figura 1. Distribuição temporal dos casos prováveis de síndrome respiratória e nervosa em aves domésticas comerciais e de subsistência no período de julho de 2022 a junho de 2023

Como resultado, a primeira detecção do vírus da influenza aviária H5N1 de alta patogenicidade em aves domésticas no Brasil foi reportada no dia 27 de junho de 2023, na cidade de Serra no estado do ES, em uma criação de aves de subsistência, com presença de múltiplas espécies de

aves domésticas. Nas ações de vigilância em um raio de 10 km do foco, não foram identificados novos casos suspeitos.

Não houve detecção do H5N1 em populações de aves domésticas de estabelecimentos comerciais.

COMPONENTE 2 - VIGILÂNCIA PASSIVA DE AVES SILVESTRES

No período de avaliação, o SVO realizou 221 investigações clínicas e epidemiológicas de casos suspeitos de SRN em aves silvestres em todo território nacional, sendo 148 das investigações classificadas como casos prováveis (nas quais houve coleta de amostras para IA e DNC) e 73 categorizadas como suspeitas descartadas.

Houve maior concentração de casos prováveis em aves silvestres ao longo da costa do oceano Atlântico, indicando também que a maior parte das investigações foi realizada em aves marinhas costeiras na rota de migração atlântica. Os estados com maior número de investigações foram Espírito Santo, Rio de Janeiro e São Paulo, com populações residentes de aves marinhas e predomínio de diferentes espécies de trinta-réis (*Thalasseus acuflavidus*, *Sterna hirundinacea* e *Thalasseus maximus*).

No período avaliado, foram confirmadas 56 detecções do vírus da influenza aviária H5N1 de alta patogenicidade em aves silvestres de vida livre.

COMPONENTE 3 - VIGILÂNCIA ATIVA EM AVICULTURA INDUSTRIAL

Respeitando o planejamento amostral para vigilância epidemiológica e laboratorial dos vírus de IA e DNC foram colhidas amostras de soro e suabes de traqueia e cloaca de aves domésticas em 2.385 estabelecimentos avícolas, incluindo estabelecimentos de reprodução e comerciais, com maior número de propriedades nos estados do Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná e São Paulo. As atividades se concentraram no período de agosto de 2022 a janeiro de 2023.

A figura 2 apresenta a distribuição geográfica dos estabelecimentos avícolas amostrados nas diferentes áreas de amostragem do componente 3, de acordo com o plano de amostragem.

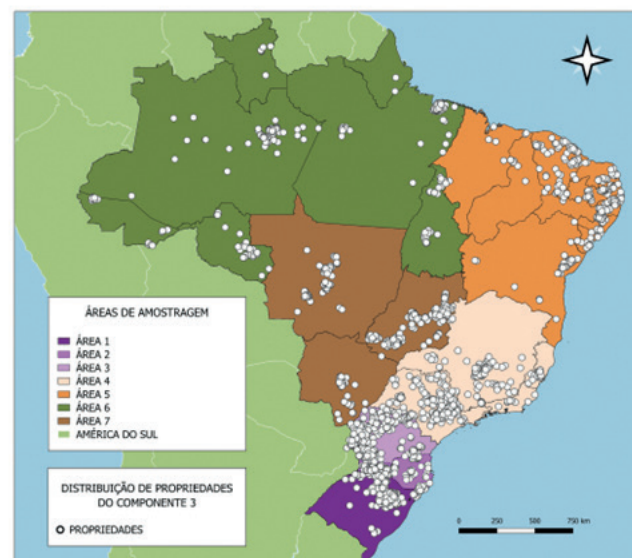


Figura 2. Distribuição geográfica dos estabelecimentos avícolas amostrados nas diferentes áreas de amostragem do componente 3

As coletas de amostras se concentraram em estabelecimentos de produção comercial de frangos de corte (55%) e estabelecimentos de postura comercial (30%). Galinhas e frangos foram as espécies com maior número de amostras (88%), seguidos de perus (9%), codornas e anseriformes.

Para obtenção do perfil sorológico, foram realizados 25.237 testes de ELISA para detecção de anticorpos para influenza A, que resultaram em 90 amostras positivas (0,35%).

Do total de 90 amostras positivas, 67 foram submetidas à prova de HI com objetivo de pesquisar anticorpos para os subtipos H1 ao H16 do vírus influenza A. As 23 amostras restantes não apresentavam volume de soro suficiente para o ensaio, e

por essa razão, não foram testadas.

A tipificação das amostras soropositivas para o teste de triagem ELISA apresentou somente 3 amostras com presença de anticorpos para diferentes subtipos de hemaglutinina do vírus influenza A. Os resultados apontaram que duas amostras de galinhas provenientes de dois estabelecimentos de postura comercial no Rio Grande do Sul apresentaram anticorpos para os subtipos H1 e H16 do vírus influenza A. No estado de Santa Catarina, foram detectados anticorpos para o subtipo H13 em amostra de peru oriundo de estabelecimento comercial de corte.

Foram realizados 8.363 testes moleculares a partir de pools de suabes traqueais e cloacais para detecção do vírus influenza A por meio de reações de RT-qPCR para detecção dos genes matriz (M) e nucleoproteína (NP) do vírus influenza A. Nenhuma amostra provinda de aves de estabelecimentos de reprodução e comerciais apresentou resultado positivo no teste molecular para detecção do vírus influenza A. Portanto, não foram realizados ensaios específicos para os subtipos H5, H7 e H9.

A ausência de amostras positivas nas análises moleculares para a detecção do vírus da influenza A combinados aos dados de vigilância epidemiológica evidenciou que não há infecção de IA nas populações de aves industriais.

Para detecção de vírus de DNC, foram realizados 8.387 testes moleculares de pools de suabes de traqueia e cloaca para detecção do gene matriz (M). A diferença verificada entre o número de reações de RT-PCR para IA e DNC foi decorrente às rejeições de amostras e perdas no processamento laboratorial.



Foram detectadas 204 amostras positivas para gene M de 123 diferentes estabelecimentos avícolas industriais. Importante esclarecer que a detecção do gene M identifica cepas de origem vacinal ou de campo patogênicas e apatogênicas. A maior prevalência de amostras positivas para gene M do vírus da DNC foi no Paraná, com 117 detecções. Na sequência, Santa Catarina e Pará apresentaram maior frequência de amostras positivas para gene M.

As amostras positivas para gene M do vírus de DNC foram submetidas a uma nova reação de RT-qPCR que amplifica a região do gene F, com o objetivo de detectar apenas as amostras contendo cepas mesogênicas ou velogênicas do vírus APMV-1. Do total de 204 amostras testadas para gene F do vírus da DNC, todas foram negativas.

No que se refere às análises moleculares para o vírus de DNC nos plantéis avícolas industriais, foi possível verificar a ausência de identificação do gene F (gene indicador de patogenicidade do vírus da DNC) nas amostras positivas para gene M, o que indica que as mesmas têm origem de padrões vacinais ou de vírus de DNC apatogênico. Isso posto, infere-se que não há infecção de DNC nas populações de aves industriais.

COMPONENTE 4 - VIGILÂNCIA ATIVA EM AVES DE SUBSISTÊNCIA

Para o atendimento dos objetivos deste componente, a população-alvo foram as aves de subsistência localizadas em áreas de risco, pela maior probabilidade de exposição a aves migratórias, e que estivessem localizadas próximas aos estabelecimentos de avicultura industrial.

Foram coletadas amostras para análises sorológicas e moleculares de 1.064 estabelecimentos com criações de aves de subsistência, ao longo das três rotas migratórias consideradas. As coletas de amostras foram realizadas de janeiro a junho de 2023. Na rota Atlântica/Nordeste, foram amostrados 403 estabelecimentos, representando 37,87% do total de estabelecimentos amostrados. A segunda rota com maior quantitativo de estabelecimentos amostrados foi a Brasil Central, com 341 estabelecimentos.

O estado com maior quantidade de estabelecimentos amostrados com criações de aves de subsistência inspecionadas foi o Pará, com 142 (13,34%) estabelecimentos. A característica que diferencia este estado dos demais é que devido seu posicionamento geográfico no Brasil e sua extensão, acabou participando da amostragem por meio das três rotas migratórias.

A figura 3 apresenta a distribuição geográfica dos estabelecimentos com criações de aves de subsistência amostrados nas diferentes rotas migratórias consideradas.



Figura 3. Distribuição geográfica dos estabelecimentos com criações de aves de subsistência amostrados por rota no componente 4

As coletas de amostras se concentraram em estabelecimentos de criações de aves de subsistência com populações mistas de aves domésticas sendo que do total de 1.064 estabelecimentos inspecionados, 812 (76,32%) possuíam populações mistas com presença de outros galináceos.

Para pesquisa de anticorpos para o vírus de IA, foram realizadas 10.557 análises de ELISA. O número de amostras soropositivas ao ELISA para influenza A foi de 28 amostras positivas (0,27%). O estado com maior quantitativo de amostras positivas no teste de triagem ELISA para IA foi o Rio Grande do Sul com 12 amostras.

Todas as amostras positivas ou inconclusivas no teste de ELISA para IA foram submetidas à prova de HI para pesquisa de anticorpos contra os diversos subtipos do vírus da IA (H1 – H16). A tipificação das amostras soropositivas

no teste de triagem ELISA resultou na detecção de anticorpos para os subtipos H7 e H10, H1 e H14 em três amostras de galinhas/frango dos estados da Bahia, Mato Grosso e Pernambuco. A análise também apontou a presença de anticorpos para o subtipo H9 em amostra provinda da espécie ganso, do estado do Rio Grande do Sul.

Adicionalmente, foram realizados testes moleculares a partir pools de suabes de traqueia e cloaca para detecção do vírus influenza A por meio de reações de RT-qPCR. No total, foram realizadas 3.947 análises para detecção do vírus influenza A por meio de reações de RT-qPCR.

Não houve detecção de amostras positivas para os genes M ou NP do vírus influenza A.

A frequência de amostras soropositivas ao ELISA para influenza A foi baixa, representando apenas 0,27% das amostras analisadas. Adicionalmente, os testes moleculares realizados nas mesmas amostras não identificaram a presença do vírus da influenza A, demonstrando a ausência de circulação do vírus de IAAP nas aves de subsistência.

Para investigação sorológica dos vírus de DNC, foram realizadas 9.886 análises de ELISA. De acordo com os resultados obtidos foram identificados anticorpos para vírus de DNC em 224 estabelecimentos de criação de aves de subsistência, totalizando 682 amostras com resultados positivos (6,89 %). A maior parte desses estabelecimentos possuía populações mistas de aves domésticas.

Para detecção de vírus de DNC, foram realizados 4.018 testes moleculares nos suabes de traqueia e cloaca coletados.

A diferença apontada entre o número de reações de RT-PCR para IA e DNC foi decorrente às rejeições de amostras e perda no processamento laboratorial.

Do total analisado, foram detectadas três amostras positivas pela reação de RT-qPCR para o gene de matriz do vírus de DNC em uma de galinha e duas de patos, sendo duas amostras provenientes de estabelecimentos de criação de aves de subsistência no Amazonas e uma no Paraná. No Amazonas as espécies afetadas foram galinha e pato, no Paraná foi um pato.

As três amostras positivas foram submetidas a testes confirmatórios para identificação do gene F, relacionado ao vírus velogênico da DNC. Todas as amostras foram negativas para o gene F, evidenciando que não há circulação de cepas virulentas do vírus de DNC em populações de aves de subsistência.

A presença de anticorpos para vírus de DNC nas amostras de aves de subsistência aliado aos resultados negativos em testes moleculares confirmatórios, pode indicar resposta imunológica vacinal já que aves amostradas poderiam ter sido adquiridas já vacinadas para DNC. O resultado poderia assinalar, ainda, a circulação de cepas vacinais ou de vírus apatogênicos na população.

COMPONENTE 5 - VIGILÂNCIA ATIVA EM COMPARTIMENTOS LIVRES DE INFLUENZA AVIÁRIA E DOENÇA DE NEWCASTLE

Atualmente, existem 7 compartimentos certificados pelo Mapa, todos associados à reprodução. No período avaliado, havia um compartimento adicional destinado

à produção de carne e seus dados de vigilância foram incluídos no presente relatório.

No período avaliado foram amostradas 263 unidades epidemiológicas (núcleos) associadas aos compartimentos, localizadas nos estados de Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Paraná, São Paulo, Santa Catarina e Rio Grande do Sul.

Não houve a detecção de amostras positivas aos testes confirmatórios de IA e DNC nas aves amostradas. Dessa forma, os 8 compartimentos certificados pelo Mapa à época apresentaram status de livre para IA e DNC.





Relatório do Plano de Vigilância

//// 2. RESULTADOS DA VIGILÂNCIA



NÃO HOUE DETECÇÃO DE AMOSTRAS POSITIVAS DE IA E DNC EM AVES COMERCIAIS NO ÚLTIMO CICLO DO PLANO DE VIGILÂNCIA DE IA E DNC E, POR CONSEQUÊNCIA, O PAÍS MANTEM O STATUS SANITÁRIO DE LIVRE DE IA E DNC FRENTE À OMSA E AOS PARCEIROS COMERCIAIS.

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

