

Longe do litoral

Cisne-negro, uma das espécies infectadas com o vírus no zoológico de Sapucaia do Sul, no Rio Grande do Sul

Vírus causador da gripe aviária de alta patogenicidade entrou no Brasil por duas rotas migratórias em 2025 e se espalhou por áreas distantes da costa

RICARDO ZORZETTO

Em maio de 2025, os produtores brasileiros de ovos e carne de frango levaram um susto que gerou apreensão. No dia 11 daquele mês, trabalhadores de uma granja comercial em Montenegro, um município de 66 mil habitantes no Rio Grande do Sul, reportaram às autoridades sanitárias a morte de várias aves, levantando a suspeita de infecção por uma variedade agressiva do vírus causador da gripe aviária. Na propriedade eram criadas matrizes pesadas, galos e galinhas geneticamente selecionados para gerar ovos férteis usados na produção de frangos de corte. Técnicos do Serviço Veterinário Oficial (SVO), órgão federal responsável pela sanidade animal, foram à cidade no dia seguinte, colocaram a propriedade em quarentena e coletaram amostras de secreções e tecidos das aves mortas. Em apenas três dias, 92% de 17.008 galos e galinhas da granja adoeceram e morreram. Os demais foram eliminados para evitar o risco de transmissão, assim como os ovos produzidos um pouco antes, que haviam sido distribuídos para três estados brasileiros. Nas semanas seguintes, a granja passou por um rigoroso processo de limpeza e desinfecção, enquanto outras 94 propriedades em um raio de 10 quilômetros foram submetidas a vistoria.

O caso de Montenegro foi o primeiro no país – e, por ora, o único – de infecção de aves de um estabelecimento comercial pelo vírus da influenza A H5N1 de alta patogenicidade, causador de uma forma

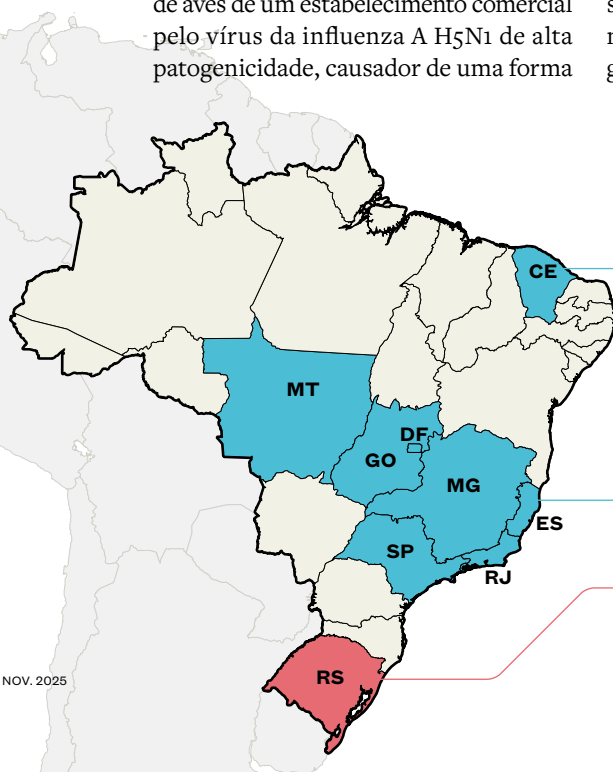
bastante grave e letal de gripe aviária. A confirmação laboratorial da doença, divulgada no dia 16 daquele mês, levou a China e os países da União Europeia a suspenderem temporariamente a importação de carne de frango do Brasil, o segundo maior produtor e o maior exportador do produto no mundo, ao passo que outras nações impuseram restrições apenas à produção do Rio Grande do Sul.

“A identificação em aves comerciais foi pontual no Brasil”, afirma a virologista Helena Lage Ferreira, da Universidade de São Paulo (USP), que estuda vírus que afetam animais e colabora com os ministérios da Agricultura e Pecuária, da Saúde e da Ciência, Tecnologia e Inovação em questões relacionadas à gripe aviária. “Desde o caso ocorrido no Rio Grande do Sul, não houve outro”, conta. A doença, no entanto, continua a afetar criações domésticas de aves.

Audidores fiscais agropecuários do Laboratório Federal de Defesa Agropecuária (LFDA) em Campinas, interior de São Paulo, e do LFDA em Pedro Leopoldo, Minas Gerais, sequenciaram o genoma do vírus de Montenegro e constataram que ele pertencia à mesma variedade que surgira três meses antes na Argentina. O material genético de ambas é composto por uma combinação única dos genes de três linhagens do vírus: uma que se disseminou pela Europa e pela Ásia, outra encontrada na América do Norte e uma terceira surgida na América do Sul. Na semana do surto na granja comercial, a mesma variedade do H5N1 com material genético de origem tripla chegou ao zoo-

Estados com surtos de gripe aviária em 2025

Variedades do vírus da influenza A H5N1 chegaram ao Brasil por rotas distintas e atingiram sete espécies de aves



Espécies infectadas pela variedade vinda pela América Central ou Caribe

- Galinha (*Gallus gallus*)
- Galinha-d'angola (*Numida meleagris*)
- Irerê (*Dendrocygna viduata*)
- Cisne-negro (*Cygnus atratus*)
- Ema (*Dromaius novaehollandiae*)

Espécies infectadas pela variedade vinda da região sul da América do Sul

- Galinha (*Gallus gallus*)
- João-de-barro (*Furnarius rufus*)
- Cisne-negro (*Cygnus atratus*)
- Cisne-de-pescoço-preto (*Cygnus melancoryphus*)

lógico de Sapucaia do Sul, município a 33 quilômetros a sudeste de Montenegro, onde matou quase 170 aves – a maioria patos e cisnes, em particular os cisnes-negros (*Cygnus atratus*) e os cisnes-de-pescoço-preto (*Cygnus melancoryphus*).

A semelhança entre os genomas do vírus da Argentina e do Rio Grande do Sul foi descrita por pesquisadores do LFDA, em parceria com colaboradores da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), em um artigo publicado na edição de fevereiro da revista *Virology* e divulgado on-line em 27 de novembro passado. Ela sugere que a variedade que causou os dois surtos de 2025 no Sul do Brasil chegou ao país trazida por aves silvestres que percorrem uma rota migratória pelo sul do continente, vindas da costa do Pacífico. Essa variedade também guarda proximidade genética com a que circulou tempos atrás no Chile e em 2023 e 2024 causou surtos de gripe em aves migratórias marinhas e aves domésticas em uma faixa litorânea que vai do sul da Bahia ao Rio Grande do Sul (ver Pesquisa FAPESP nº 332), sem atingir cidades longe da costa.

A variedade responsável pelos dois surtos do Rio Grande do Sul, no entanto, não foi a única a entrar no Brasil em 2025. A análise de 274 amostras de secreções e tecidos de aves coletadas entre janeiro e outubro do ano passado permitiu aos autores do artigo da *Virology* concluir que uma segunda variedade do vírus, geneticamente semelhante ao precursor do H5N1 que circulou no gado leiteiro dos Estados Unidos, chegou ao país vinda por outra rota. “Essa variedade parece

ter sido trazida ao Brasil por aves que migraram do hemisfério Norte para cá via América Central ou Caribe”, comenta o microbiologista Aristóteles Góes-Neto, da UFMG, coautor do estudo da *Virology*.

A variedade norte-americana causou outros 17 surtos de gripe aviária (oito em aves silvestres e nove em criações de subsistência), distribuídos pelas regiões Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste (ver mapa na página 59). Enquanto a que circulou pelo Sul se mostrou capaz de atingir o sistema nervoso central e causar danos neurológicos, deixando as aves desorientadas e com dificuldade de comer, o vírus que penetrou no interior infectou, além de galinhas (*Gallus gallus*) e galinhas-d’angola (*Numida meleagris*), aves silvestres como irerês (*Dendrocygna viduata*), emas (*Dromaius novaehollandiae*) e cisnes-negros, provocando problemas gastrointestinais.

“Houve uma interiorização do vírus, que está se dispersando por um número maior de espécies, entre elas as de aves aquáticas residentes no país, que têm capacidade de migrar por 200 ou 300 quilômetros e espalhá-lo regionalmente”, comenta Ferreira, que desenvolve pesquisas com o vírus, mas não participou do estudo publicado na *Virology*.

A segunda variedade introduzida no país apresentava combinações gênicas ainda mais diversas. Foram identificadas 11, nenhuma registrada antes na América do Sul. Em geral, eram compostas por

parte dos genes semelhante ao do vírus que infectou o gado norte-americano e parte de origem indeterminada, às vezes de variedades do vírus de baixa patogenicidade. “Esses dados nos deixam em alerta”, diz Góes-Neto. “Ainda não se sabe se os vírus que resultam dessas combinações são mais agressivos.”

O material genético do vírus da influenza é composto por oito segmentos de genes de RNA (ácido ribonucleico). Ele é propenso a sofrer um tipo específico de rearranjo que envolve a troca de genes inteiros e só ocorre quando ao menos duas variedades infectam uma mesma célula. “Os achados desse estudo indicam que o vírus da gripe aviária continua circulando em aves silvestres na América do Sul e trocando material genético com outros vírus”, afirma Ferreira. Como há poucos dados sobre a influenza de baixa patogenicidade no Brasil, ela explica, não é possível conhecer onde ocorreram essas novas combinações.

“Nossos resultados destacam a complexidade da ecologia e da dinâmica de transmissão da influenza aviária e ressaltam a importância da vigilância genômica descentralizada e contínua”, escreveram os autores no artigo da *Virology*. Eles concluem com um alerta: “A detecção precoce e a caracterização sistemática de variantes emergentes são essenciais para mitigar os impactos na saúde animal, na produção avícola e nos potenciais riscos à saúde pública”. ●

O artigo científico consultado para esta reportagem está listado na versão on-line.



Galinha-d’angola (acima) e ema, espécies atingidas pela variedade do H5N1 semelhante à que circulou nos Estados Unidos

