Imunologia & Doenças Infecciosas e Parasitárias

EDIÇÃO XI

Capítulo 16

DOENÇA DE NEWCASTLE EM AVES: DINÂMICA EVOLUTIVA E ESTRATÉGIAS DE CONTROLE







ARTHUR MASAHARU DA NÓBREGA BATISTA[1]
MATEUS MARQUES DO NASCIMENTO[2]
MIRIÃ MAMEDE NORONHA DE SOUZA[1]
GYRES ZINSOU METOGNISSE LANMADOUCELO[3]
KENNEDY CERES SOUSA LIMA[1]
ANA LUIZA FERREIRA MACHADO[3]
ANA VILMA FREITAS MARTINS[3]
AYONNA SAVANA FERNANDES LINHARES[3]
EMANUELLE EMMELY SILVA LEITE[3]
ALANA AGUDELO DE CARVALHO[3]
THAYOAMA LIMA SOUZA[3]
INGRID LISBOA DUTRA[3]
MARCOS VINICIUS VIDAL SILVA[3]
ROBERTA CRISTINA DA ROCHA-E-SILVA[4]
VITÓRIA VIVIANE FERREIRA DE AQUINO[4]

1. Discente – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Saúde Animal da Universidade Federal de Campina Grande.
2. Médico Veterinário Autônomo, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.
3. Discente – Medicina Veterinária da Universidade Federal de Campina Grande.
4. Docente – Unidade Acadêmica de Medicina Veterinária da Universidade Federal de Campina Grande.

Palavras-chave: *Epidemiologia Molecular; Genótipos Virais; Vigilância Sanitária.*

DOI 10.59290/0200299381

EDITORA PASTEUR

INTRODUÇÃO

A doença de Newcastle permanece endêmica em diversas regiões com registros recentes de circulação de genótipos virulentos em países africanos e asiáticos. Em um sistema de criação doméstico no sudoeste da Etiópia, foram descritas altas taxas de mortalidade associadas ao genótipo VII.1.1 (EMERU *et al*., 2025). Em ensaio experimental conduzido com genótipo VII.2, observou-se elevada mortalidade em aves não adequadamente protegidas pelos protocolos vacinais avaliados (STEENSELS *et al*., 2025).

Estudos conduzidos na China identificaram circulação de vírus da classe I em aves silvestres, indicando potencial papel dessas populações na manutenção regional do vírus da doença de Newcastle (NDV) (JIA *et al*., 2022). Evidências recentes demonstram a presença de vírus geneticamente diversos em aves migratórias e pombos urbanos, reforçando o papel desses hospedeiros na manutenção e dispersão do agente em escala regional e intercontinental (PEREIRA *et al*., 2022).

Do ponto de vista patobiológico, avanços recentes têm ampliado a compreensão dos mecanismos de infecção, disseminação e lesão tecidual induzidos pelo NDV, incluindo danos a junções epiteliais, intensa depleção linfoide e ativação de vias celulares de morte programada (LU *et al*., 2025). Esses achados reforçam que a patogenia da enfermidade vai além da simples replicação viral, envolvendo interações complexas entre o vírus e o sistema imune do hospedeiro (RABIEI *et al*., 2024).

Objetivou-se com este estudo realizar uma revisão crítica da literatura recente sobre a doença de Newcastle em aves, abordando aspectos relacionados ao agente etiológico, epidemiologia, hospedeiros, sinais clínicos, transmissão, patogenia, diagnóstico, controle e prevenção.

MÉTODO

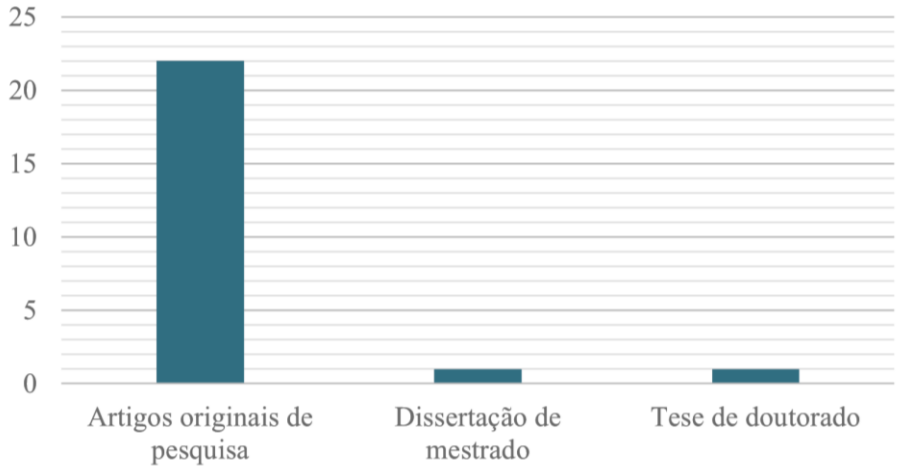
Foi realizada uma revisão da literatura científica sobre a doença de Newcastle em aves, com foco em publicações recentes que abordassem aspectos etiológicos, epidemiológicos, clínicos, patogênicos, diagnósticos e de controle da enfermidade, de modo a permitir uma análise integrada e atualizada do tema. A estratégia metodológica foi escolhida por permitir a síntese de diferentes tipos de evidência científica, incluindo estudos experimentais, epidemiológicos e moleculares na área de sanidade avícola.

As buscas bibliográficas foram conduzidas nas bases de dados *Google Scholar*, PubMed, Scopus, *Web of Science* e *ScienceDirect*, utilizando combinações dos descritores "*Newcastle disease*", "*Newcastle disease virus*", "*avian paramyxovirus*", "*epidemiology*", "*pathogenesis*", "*diagnosis*", "*vaccination*" e "*control*", aplicados em língua inglesa e portuguesa.

Como critérios de inclusão, selecionaram-se estudos indexados nas bases mencionadas, com descrição clara de metodologia, dados originais, e pertinência direta com a doença de Newcastle em aves domésticas ou silvestres. Foram excluídos artigos de revisão, resumos publicados em anais de congressos, estudos sem descrição metodológica adequada e trabalhos que abordassem a doença apenas de forma tangencial. Foram selecionados estudos publicados de 2021 a 2026, escritos nos idiomas inglês e português. A seleção final compreendeu 22 artigos originais de pesquisa, bem como uma dissertação de mestrado e uma tese de doutorado. A **Figura 16.1** ilustra a organização quantitativa dos diferentes tipos de estudos incluídos.

Após a seleção, os estudos foram analisados de forma qualitativa, com extração e reorganização das informações relevantes para cada subtópico previamente definido, buscando coerência conceitual, atualização científica e consistência terminológica. A síntese dos dados foi realizada de maneira descritiva e interpretativa, priorizando a comparação entre achados, identificação de consensos, lacunas de conhecimento e implicações práticas para a vigilância e o controle da doença de Newcastle em sistemas avícolas.

Figura 16.1 Representação gráfica da quantidade de estudos selecionados



RESULTADOS E DISCUSSÃO

Agente etiológico

Do ponto de vista molecular, o NDV é classificado em duas grandes classes, I e II, sendo que a classe I é frequentemente identificada em aves silvestres, enquanto a classe II tem sido associada a surtos clínicos descritos em aves domésticas (JIA *et al*., 2022). Dentro da classe II, diversos genótipos têm sido descritos, com destaque para o genótipo VII, o qual tem sido frequentemente identificado em surtos recentes na África Oriental (EMERU *et al*., 2025).

Cepas velogênicas apresentam múltiplos aminoácidos básicos nesse sítio, permitindo clivagem eficiente por proteases ubiquitárias do hospedeiro, o que resulta em infecções sistêmicas graves e elevada mortalidade (BORAVLEVA *et al*., 2025).

Além da diversidade genética, estudos recentes têm demonstrado que diferenças antigenéticas entre cepas vacinais clássicas e vírus de campo contribuem para a persistência da doença em regiões endêmicas, mesmo na presença de programas regulares de vacinação (STEENSELS *et al*., 2025). Esses achados reforçam a necessidade de vigilância molecular contínua e atualização periódica das estratégias vacinais, considerando a dinâmica evolutiva do NDV e a emergência constante de variantes geneticamente distintas (MIHIRETU *et al*., 2025).

Epidemiologia

A circulação e a evolução de NDV em mercados avícolas constituem um importante componente da epidemiologia regional da doença, com evidências de adaptação local e transmissão transfronteiriça de variantes virulentas do vírus, sublinhando a necessidade de estratégias de vigilância coordenadas (SAJO *et al*., 2026).

A caracterização molecular de NDV em mercados de aves vivas revelou a predominância de subgenótipos específicos, com prevalência detectável em cerca de 23,5% das amostras testadas, o que enfatiza a importância de diagnósticos baseados em RT-qPCR e sequenciamento para vigilância eficaz (TSAXRA *et al*., 2023).

Estudos epidemiológicos recentes demonstram que genótipos virulentos do NDV, especialmente os pertencentes ao genótipo VII, continuam sendo frequentemente detectados em surtos em aves domésticas, inclusive em sistemas comerciais tecnificados (EMERU *et al*., 2025). Em estudo experimental conduzido na Bélgica, desafios com genótipo VII.2 demonstraram elevadas taxas de morbidade e mortalidade em aves suscetíveis, variando conforme o protocolo vacinal empregado (STEENSELS *et al*., 2025).

A circulação do NDV em aves silvestres e sinantrópicas tem sido amplamente documentada e representa um componente crítico da epidemiologia da doença, indicando possível papel na manutenção regional do vírus (JIA *et al*., 2022).

Investigações moleculares realizadas em diferentes países demonstraram elevada diversidade genética do vírus em aves migratórias, com detecção simultânea de cepas de baixa e alta virulência, indicando um cenário epidemiológico dinâmico e complexo (PEREIRA *et al*., 2022).

A caracterização molecular de isolados de NDV em aves silvestres no Brasil demonstrou a circulação de diferentes genótipos fora do ambiente comercial, indicando que populações silvestres podem atuar como reservatórios epidemiológicos e fontes potenciais de reintrodução viral em sistemas produtivos, o que exige vigilância integrada entre avicultura industrial e fauna silvestre (SILVA, 2024).

Sequenciamentos completos de isolados de campo confirmam que genótipos VII.2 continuam circulando em plantéis vacinados e associados a elevada mortalidade, ressaltando lacunas nas respostas vacinais e a necessidade de adaptação de estratégias imunizantes (REDDY *et al*., 2024).

A caracterização genômica de isolados associados a surtos na Indonésia evidenciou diversidade genética regional, sugerindo dinâmica local de circulação viral (RABIEI *et al*., 2021).

Além disso, a análise de genomas completos de isolados etíopes revelou variações genéticas consistentes com dinâmica evolutiva recente do vírus naquela região (MIHIRETU *et al*., 2025). Esses achados reforçam que a epidemiologia da doença de Newcastle não é estática, exigindo monitoramento contínuo e integração entre vigilância em aves domésticas e silvestres para o delineamento de estratégias eficazes de controle e prevenção (RABIEI *et al*., 2024).

Hospedeiros

Aves silvestres, especialmente espécies aquáticas e migratórias, têm sido descritas como importantes hospedeiros na manutenção e circulação do NDV, frequentemente abrigando cepas de baixa virulência, mas também variantes geneticamente relacionadas a vírus virulentos detectados em surtos em aves domésticas (JIA *et al*., 2022). Isolados obtidos de patos silvestres demonstraram relevância experimental na proteção cruzada contra genótipo VII, evidenciando a importância de aves aquáticas na diversidade viral (BORAVLEVA *et al*., 2025).

Espécies sinantrópicas, como pombos urbanos (*Columba livia*), têm recebido atenção crescente por sua proximidade com ambientes urbanos e sistemas de produção avícola, além de apresentarem infecção por cepas virulentas capazes de causar doença clínica e mortalidade (PEREIRA *et al*., 2022). A identificação de vírus geneticamente distintos em pombos reforça a importância dessas aves como elos epidemiológicos entre populações silvestres e domésticas, especialmente em áreas com baixa biosseguridade (RABIEI *et al*., 2024).

Estudos de campo confirmaram surtos de NDV de alta virulência em aves silvestres como pombos-colombo (*Streptopelia decaocto*) e outras Columbidae, que, apesar de não serem tradicionalmente foco de pesquisa em epidemiologia, atuam como reservatórios e fontes potenciais de transmissão para aves domésticas (MOREIRA *et al*., 2025).

Sinais clínicos

Em aves domésticas, especialmente galinhas, os sinais respiratórios incluem dispneia, estertores, espirros e secreção nasal, frequentemente acompanhados de queda acentuada no consumo de ração e na produção de ovos (STEENSELS *et al*., 2025). Em surtos causados por cepas viscerotrópicas velogênicas, observa-se diarreia esverdeada, desidratação e elevada mortalidade, refletindo o intenso comprometimento sistêmico induzido pelo vírus (EMERU *et al*., 2025).

Estudos histopatológicos e moleculares indicam que esses sinais estão associados à capacidade do vírus de atravessar barreiras teciduais e se replicar no sistema nervoso central, promovendo inflamação e degeneração neuronal (LU *et al*., 2025).

Em aves silvestres e sinantrópicas, a infecção pelo NDV pode ocorrer de forma assintomática ou com sinais clínicos leves, embora cepas virulentas também tenham sido associadas a mortalidade significativa em determinadas espécies (JIA *et al*., 2022). A variabilidade na apresentação clínica entre diferentes hospedeiros reforça a complexidade da doença de Newcastle e dificulta a detecção precoce dos surtos, especialmente em sistemas com vigilância sanitária limitada (PEREIRA *et al*., 2022).

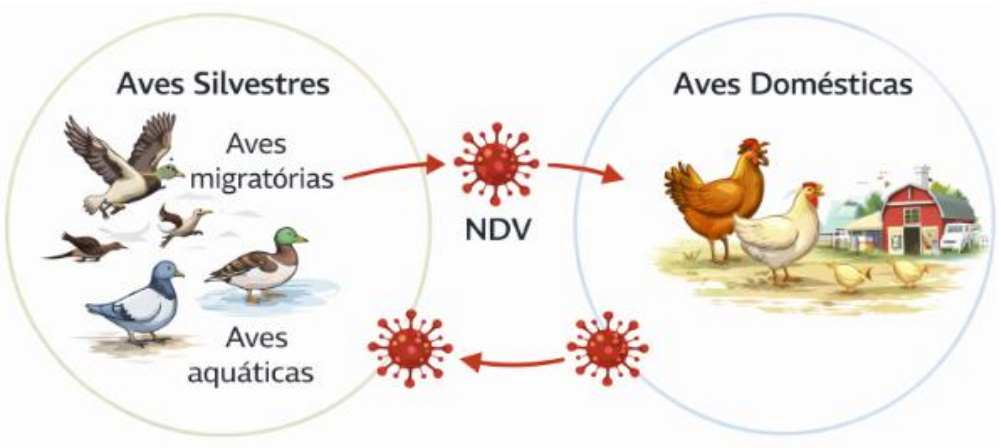
Transmissão

Estudos experimentais e de campo demonstraram que partículas virais de NDV podem ser detectadas no ar próximo de galpões de criação, com dispersão observada por vários metros além dos sistemas de exaustão, sugerindo que a transmissão aérea por gotículas ou poeira pode ocorrer em ambientes de alta densidade populacional de aves (HOSTYN *et al*., 2025).

Aves silvestres e sinantrópicas podem contribuir para a disseminação do vírus entre diferentes sistemas produtivos na transmissão do NDV, promovendo a disseminação do vírus entre diferentes regiões geográficas e sistemas produtivos (JIA *et al*., 2022). A detecção de isolados em aves aquáticas sugere potencial contribuição dessas espécies na introdução do vírus em sistemas produtivos (BORAVLEVA *et al*., 2025).

Além das vias respiratórias e fecais, a transmissão entre aves domésticas e silvestres foi documentada no norte da Índia, onde diferentes espécies de aves silvestres e migratórias apresentaram positividade para NDV, incluindo cepas de potencial patogenicidade, fortalecendo a hipótese de transmissão interespécies em áreas de interação entre populações de aves (BANSAL *et al*., 2022). A dinâmica bidirecional descrita está representada na **Figura 16.2**.

Figura 16.2 Representação esquemática da interação epidemiológica entre aves silvestres e domésticas na manutenção e disseminação do vírus da doença de Newcastle (NDV), destacando a dinâmica bidirecional de introdução e retroalimentação viral



Patogenia

O sistema linfoide é particularmente afetado durante a infecção, com relatos consistentes de depleção linfoide acentuada na bursa de Fabricius, baço e timo, o que compromete a resposta imune do hospedeiro e favorece infecções secundárias. Estudos histopatológicos demonstram que essa depleção está associada a diferentes mecanismos de morte celular, incluindo necrose, necroptose e dano oxidativo ao ácido desoxirribonucleico (DNA), variando conforme o tecido e a cepa viral envolvida (RABIEI *et al*., 2024).

Estudos experimentais com cepas recentes de NDV isoladas em Israel e no Paquistão demonstraram diferenças marcantes na virulência, distribuição tecidual e intensidade das lesões, reforçando que variações genéticas entre linhagens impactam diretamente a patogenicidade e devem ser consideradas na formulação de estratégias de controle adaptadas regionalmente (PANDARANGA *et al*., 2021).

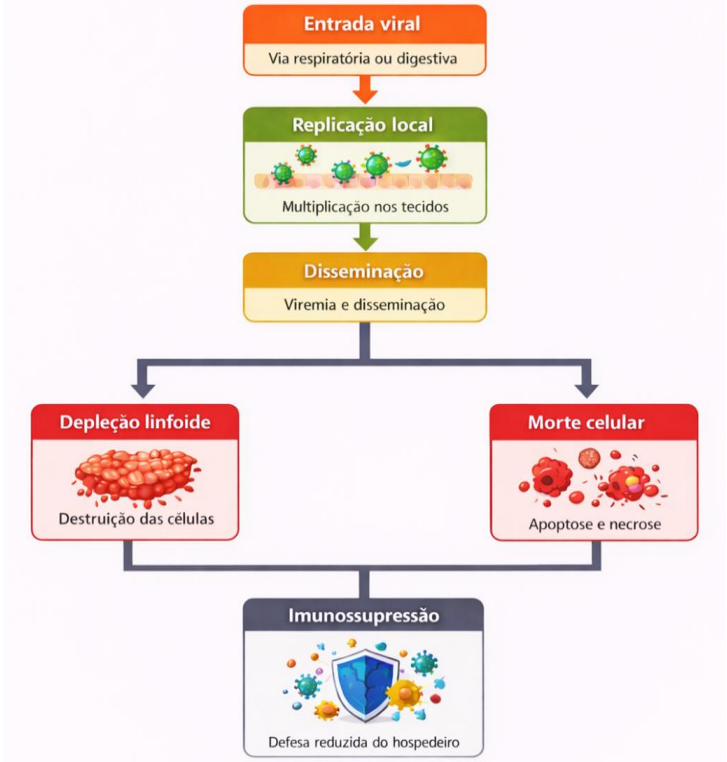
Cepas velogênicas apresentam sítios de clivagem polibásicos que permitem ativação da proteína F por proteases amplamente distribuídas nos tecidos, resultando em infecções sistêmicas graves e necrose multiorgânica (BORAVLEVA *et al*., 2025).

Avanços recentes indicam que o NDV também interfere na integridade das barreiras epiteliais, promovendo lesões em junções intercelulares e facilitando a disseminação viral entre células adjacentes (LU *et al*., 2025). Em modelos celulares, a infecção por NDV foi associada à ativação de vias de morte celular dependentes de dano ao DNA e desregulação do cálcio intracelular, achado que amplia a compreensão dos possíveis mecanismos citotóxicos do vírus (QU *et al*., 2024). A **Figura 16.3** representa esquematicamente os principais mecanismos celulares envolvidos na patogenia da doença de Newcastle.

Diagnóstico

Técnicas moleculares como a reação em cadeia da polimerase em tempo real (RT-qPCR) têm sido amplamente empregadas na detecção do genoma viral (JIA *et al*., 2022). Em um estudo, a análise transcriptômica em célula única evidenciou heterogeneidade de resposta imune em diferentes tecidos, contribuindo para compreensão aprofundada da interação vírus-hospedeiro (LIU *et al*., 2023).

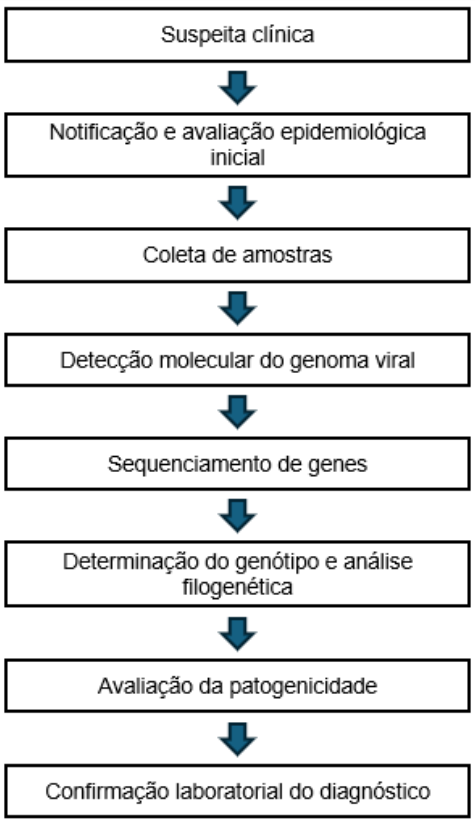
Figura 16.3 Fluxograma esquemático da patogenia da doença de Newcastle



A identificação molecular do NDV de Newcastle, associada à avaliação de índices de patogenicidade *in vivo*, constitui abordagem amplamente utilizada para diferenciação entre cepas lentogênicas, mesogênicas e velogênicas, conforme demonstrado em análises comparativas de isolados aviários (KABIR, 2022).

Em um estudo no Iraque, uma análise molecular mostrou que apesar da vacinação, aves adoecidas apresentaram positividade para o NDV por meio de testes rápidos de antígeno e RT-PCR, com sequenciamento dos genes F (fusão) e HN (hemaglutinina-neuraminidase) confirmando diferenças genéticas em relação ao vírus vacinal, o que sugere a necessidade de integrar métodos moleculares de diagnóstico rotineiro em regimes de vigilância, especialmente em áreas endêmicas (KADHIM *et al*., 2024). A investigação diagnóstica deve seguir protocolo sequencial envolvendo suspeita clínica, confirmação molecular e caracterização genotípica, conforme ilustrado na **Figura 16.4**.

Figura 16.4 Fluxograma da abordagem diagnóstica da doença de Newcastle em aves



A análise genômica completa tem sido amplamente empregada para o monitoramento da evolução viral e para a identificação de genótipos emergentes associados a surtos em diferentes regiões (MIHIRETU *et al*., 2025).

Em um estudo epidemiológico transversal na Etiópia, amostras de aves de sistemas de criação variados foram testadas com RT-PCR e ensaio imunoenzimático (ELISA) para detectar o NDV e soroconversão, e a análise conjunta de dados moleculares e sorológicos permitiu estimar a distribuição do vírus em diferentes sistemas produtivos, destacando a importância da combinação de testes para detecção precisa em programas de vigilância (EMERU *et al*., 2024).

Controle e prevenção

Diferenças antigenéticas entre cepas vacinais e vírus de campo, especialmente genótipos virulentos emergentes, podem comprometer a eficácia da vacinação e favorecer a ocorrência de surtos mesmo em plantéis imunizados (STEENSELS *et al*., 2025). Nesse contexto, dados recentes indicam a necessidade de adequação dos esquemas vacinais à realidade epidemiológica local (EMERU *et al*., 2025).

A identificação de novos isolados de campo com perfis genéticos distintos daqueles utilizados em vacinas tradicionais evidencia que a atualização periódica das cepas vacinais deve considerar dados de vigilância genômica regional (RABIEI *et al*., 2021).

Embora a vacinação reduza a gravidade clínica, a circulação viral pode persistir, com detecção por RT-PCR em aves imunizadas, indicando que programas de controle devem integrar vigilância molecular contínua mesmo em sistemas vacinados (REGMI *et al*., 2024).

Um estudo avaliou duas vacinas recombinantes baseadas em herpesvírus de perus que expressam o gene F de NDV em frangos livres de patógenos específicos (SPF) e mostrou que uma única dose conferiu elevada proteção contra desafio com NDV e induziu resposta humoral estável por pelo menos 52 semanas, demonstrando potencial para reduzir a frequência de vacinação e melhorar o controle da doença em granjas comerciais (SHI *et al*., 2024).

Ademais, outro estudo investigou determinantes sociais, de manejo e de biossegurança em galinheiros rurais em Burkina Faso e encontrou que medidas de higiene (como limpeza frequente do galinheiro) e aconselhamento técnico de agentes comunitários de saúde animal aumentaram significativamente a adoção da vacinação, destacando que ações educativas e de biossegurança são fundamentais para que vacinas contra a doença de Newcastle sejam usadas eficazmente em áreas endêmicas (OUEDRAOGO *et al*., 2026).

CONCLUSÃO

A análise dos estudos selecionados evidenciou que a doença de Newcastle permanece epidemiologicamente relevante em diferentes contextos produtivos, caracterizando-se pela circulação contínua de genótipos virulentos, ampla diversidade genética e capacidade de disseminação entre aves domésticas e silvestres.

A literatura recente demonstra que a dinâmica da enfermidade envolve múltiplos hospedeiros, variabilidade molecular significativa e diferenças antigenéticas entre cepas de campo e vacinais, fatores que podem influenciar a ocorrência de surtos mesmo em plantéis previamente imunizados. Observou-se que avanços em técnicas moleculares e em vigilância genômica têm ampliado a compreensão da evolução viral e dos mecanismos de patogenia, contribuindo para o aprimoramento das estratégias de monitoramento sanitário.

Entretanto, permanecem lacunas relacionadas à persistência viral em sistemas vacinados,

ao papel ecológico de aves silvestres na manutenção do vírus e à adaptação regional de programas imunizantes. Assim, novos estudos longitudinais, comparativos e integrando dados epidemiológicos e moleculares são necessários para aprofundar o entendimento desses aspectos e subsidiar decisões técnicas mais precisas no controle da doença.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BANSAL, N. *et al*. Prevalence of Newcastle disease virus in wild and migratory birds in Haryana, India. Avian Diseases, v. 66, p. 141, 2022. doi: 10.1637/aviandiseases-D-21-00115.

BORAVLEVA, E. *et al*. Genotype I Newcastle disease virus isolated from wild duck can protect chickens against Newcastle disease caused by genotype VII. Pathogens, v. 14, p. 380, 2025. doi: 10.3390/pathogens14040380.

EMERU, B.A. *et al*. Newcastle disease virus genotype VII.1.1 identified from backyard chickens with low antibody titer: Jimma Zone, Southwest Ethiopia. BMC Veterinary Research, v. 21, 2025. doi: 10.1186/s12917-025-04474-9.

HOSTYN, P. *et al*. Detection, transmission and spread of airborne avian influenza and Newcastle disease viruses: experimental and field investigations. Veterinary Research, v. 56, 2025. doi: 10.1186/s13567-025-01533-9.

JIA, L. *et al*. Circulation, genomic characteristics, and evolutionary dynamics of class I Newcastle disease virus in China. Virulence, v. 13, p. 414, 2022. doi: 10.1080/21505594.2022.2037342.

KABIR, M.H. Molecular identification of Newcastle disease viruses and their pathogenicity in poultry [dissertação]. Tokyo: Tokyo University of Agriculture and Technology, 2022.

KADHIM, H.J. *et al*. Clinical and molecular identification of Newcastle disease virus in naturally infected chicks in Thi-Qar province of Iraq. Open Veterinary Journal, v. 14, p. 2817, 2024. doi: 10.5455/OVJ.2024.v14.i11.10.

LIU, W. *et al*. Single-cell transcriptome atlas of Newcastle disease virus in chickens both *in vitro* and *in vivo*. Microbiology Spectrum, v. 11, e0512122, 2023. doi: 10.1128/spectrum.05121-22.

LU, X. *et al*. Newcastle disease virus promotes spreading infection through vimentin-dependent tight junction injury mediated by MLC/p-MLC activation. PLoS Pathogens, v. 21, e1013458, 2025. doi: 10.1371/journal.ppat.1013458.

MIHIRETU, B.D. *et al*. Whole-genome characterization of Newcastle disease virus isolates of sub-genotype VII.1.1 from chickens in Ethiopia. Virus Genes, v. 61, p. 701, 2025. doi: 10.1007/s11262-025-02195-7.

MOREIRA, R. *et al*. Highly virulent Newcastle disease virus in Eurasian collared doves (*Streptopelia decaocto*) in northern Portugal. Animals, v. 15, p. 3563, 2025. doi: 10.3390/ani15243563.

OUEDRAOGO, B. *et al*. Factors influencing Newcastle disease vaccine use in village chicken flocks in rural Burkina Faso. Poultry Science and Management, v. 3, 2026. doi: 10.1186/s44364-026-00020-x.

PANDARANGA, P. *et al*. Pathogenesis of new strains of Newcastle disease virus from Israel and Pakistan. Tropical Animal Health and Production, v. 53, 2021. doi: 10.1177/0300985815622972.

PEREIRA, M.R. *et al*. Identification of a virulent Newcastle disease virus strain isolated from pigeons (*Columba livia*) in Northeastern Brazil using next-generation genome sequencing. Viruses, v. 14, p. 1579, 2022. doi: 10.3390/v14071579.

QU, Y. *et al*. Newcastle disease virus infection induces parthanatos in tumor cells via calcium waves. PLoS Pathogens, v. 20, e1012737, 2024. doi: 10.1371/journal.ppat.1012737.

RABIEI, M. *et al*. Genome sequences of newly emerged Newcastle disease virus strains isolated from disease outbreaks in Indonesia. Microbiology Resource Announcements, v. 9, 2021. doi: 10.1128/mra.00204-20.

RABIEI, M. *et al*. Newcastle disease virus induces profound lymphoid depletion with different patterns of necroptosis, necrosis, and oxidative DNA damage in bursa, spleen, and other lymphoid tissues. Pathogens, v. 13, p. 619, 2024. doi: 10.3390/pathogens13080619.

REDDY, N. *et al*. Deciphering whole genome sequence of a Newcastle disease virus genotype VII.2 isolate from a commercial poultry farm in India. Gene Reports, v. 34, p. 101884, 2024. doi: 10.1016/j.genrep.2024.101884.

REGMI, S. *et al*. Clinicopathological and molecular investigation of Newcastle disease outbreaks in vaccinated and non-vaccinated broiler chicken flocks in Nepal. Animals, v. 14, p. 2423, 2024. doi: 10.3390/ani14162423.

SAJO, A.A. *et al*. Evolution and spread of regionally adapted Newcastle disease virus isolates from live bird markets in Nigeria, 2023–2024. Transboundary and Emerging Diseases, v. 73, e41584957, 2026. doi: 10.1155/tbed/8829822.

SHI, B. *et al*. Long-term protection against virulent Newcastle disease virus (NDV) in chickens immunized with a single dose of recombinant turkey herpesvirus expressing NDV F protein. Vaccines, v. 12, p. 604, 2024. doi: 10.3390/vaccines12060604.

SILVA, M.A.B. Epidemiologia molecular da Doença de Newcastle em aves silvestres no Brasil [tese]. Pirassununga: Universidade de São Paulo; 2024.

STEENSELS, M. *et al*. Protective efficacy of classical vaccines and vaccination protocols against an exotic Newcastle disease virus genotype VII.2 in Belgian layer and broiler chickens. Poultry Science, v. 104, p. 104604, 2025. doi: 10.1016/j.psj.2024.104604.

TSAXRA, G. *et al*. Molecular characterization of Newcastle disease virus isolated from live bird markets in Morogoro, Tanzania (2020–2021). Veterinary Microbiology, v. 287, 2023. doi: 10.1007/s42770-023-01159-z.