Imunologia & Doenças Infecciosas e Parasitárias

EDIÇÃO X

Capítulo 15

INFLUENZA AVIÁRIA DE ALTA PATOGENICIDADE: EPIDEMIOLOGIA, TRANSMISSÃO, VIGILÂNCIA E RISCO ZOONÓTICO







INGRID LISBOA DUTRA[1]
JUAN MATHEUS HENRIQUE CARVALHO[1]
ARTHUR MASAHARU DA NÓBREGA BATISTA[1]
MATEUS MARQUES DO NASCIMENTO[1]
RODRIGO FERREIRA OLIVEIRA[1]
MIRIÃ MAMEDE NORONHA DE SOUZA[2]
ALANA AGUDELO DE CARVALHO[1]
AYONNA SAVANA FERNANDES LINHARES[1]
MURILO YWSK DA SILVA BORGES[1]
HELOÍSA GOES DE ARAÚJO MEDEIROS[1]
ANTONIO ERINALDO DE LIMA[1]
ALEXSANDRA AMARO LEITE[1]
JASLANE WIHELMINE BATISTA BEZERRA[1]
ROBERTA CRISTINA DA ROCHA-E-SILVA[3]
VITÓRIA VIVIANE FERREIRA DE AQUINO[3]

1. Discente – Medicina Veterinária da Universidade Federal de Campina Grande.
2. Discente – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Saúde Animal – Universidade Federal de Campina Grande.
3. Docente – Unidade Acadêmica de Medicina Veterinária da Universidade Federal de Campina Grande.

Palavras-chave: *Biossegurança; H5N1; Saúde Única.*

DOI 10.59290/1912500092

EDITORA PASTEUR

INTRODUÇÃO

A gripe aviária altamente letal continua sendo uma problemática constante para criadores de aves e autoridades sanitárias mundo afora. Esse vírus apresenta elevada transmissibilidade entre galinhas, perus e até aves selvagens, causando perdas enormes em granjas e gerando preocupação sanitária para possíveis saltos para humanos (DUONG *et al.*, 2022).

Nos últimos anos, novas variantes virais surgiram com comportamentos imprevisíveis, mudando o modo como elas circulam entre espécies e territórios, o que resulta em um impacto negativo nas populações aviárias (ZHANG *et al.*, 2025).

Apesar dos esforços de vigilância global para detecção de IAAP, sistemas de monitoramento ainda apresentam falhas para a detecção de circulações virais discretas em áreas remotas ou populações selvagens, o que atrasa ações de contenção e eleva o perigo de surtos maiores (RAPI *et al.*, 2025).

O objetivo deste estudo foi revisar e discutir criticamente a evolução recente da IAAP, abordando epidemiologia, transmissão, patogenia, diagnóstico, controle e risco zoonótico.

MÉTODO

Este estudo baseia-se em uma revisão narrativa da literatura recente sobre IAAP, com enfoque temático e caráter analítico-descritivo. Foram consultadas publicações científicas e documentos técnicos publicados principalmente entre 2021 e 2025, priorizando estudos em inglês e português que apresentassem relevância científica e clareza metodológica. As buscas foram realizadas nas bases PubMed, Scopus, *Web of Science, ScienceDirect*, SciELO e *Google Scholar*, utilizando combinações dos termos "*avian influenza*", "*highly pathogenic avian influenza*", "H5N1", "*epidemiology*", "*transmission*", "*diagnosis*" e "*control*".

Foram incluídos estudos originais, relatos de surtos, investigações epidemiológicas, análises moleculares, evidências sobre transmissão, além de relatórios oficiais e documentos institucionais reconhecidos. Foram excluídas publicações duplicadas, textos sem acesso ao conteúdo completo, materiais essencialmente opinativos ou sem base empírica clara, artigos com metodologia inconsistente ou dados não verificáveis, fontes que não abordassem diretamente aspectos relacionados à epidemiologia, transmissão, diagnóstico, impacto produtivo ou risco zoonótico e literatura excessivamente desatualizada.

Ao final, foram selecionados 20 artigos originais de pesquisa escritos em inglês e uma tese de doutorado escrita em português. As informações selecionadas foram organizadas em eixos temáticos (agente etiológico e diversidade genética; epidemiologia; transmissão; sinais clínicos; patogenia; diagnóstico; controle e prevenção; risco zoonótico), de modo a apresentar visão integrada e atualizada do tema no contexto de saúde única. A composição dos tipos de estudos selecionados está ilustrada na **Figura 15.1**.

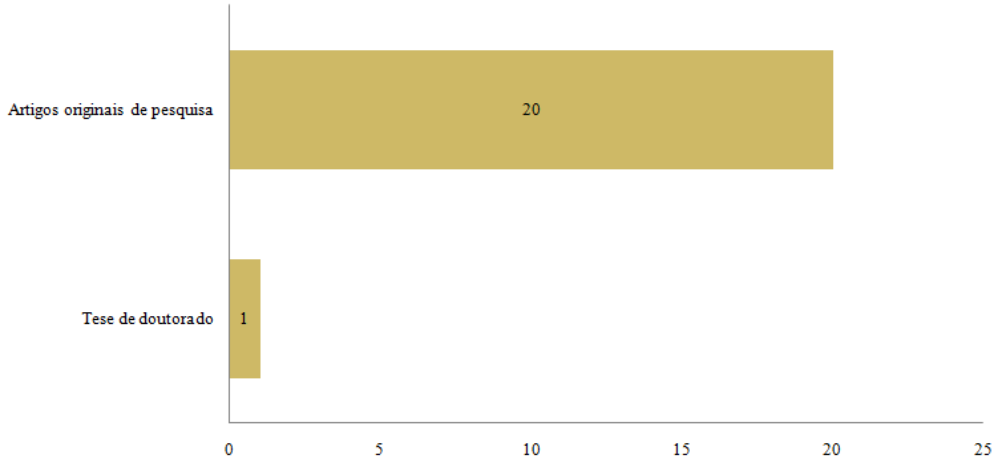
RESULTADOS E DISCUSSÃO

Agente etiológico

A influenza aviária é causada por vírus da família *Orthomyxoviridae*, gênero Influenza A, que possui genoma de RNA de fita simples, segmentado em oito segmentos, característica que favorece eventos de reagrupamento genético e elevada variabilidade genética. Esses vírus infectam principalmente aves, mas também podem atingir outras espécies, apresentando

ampla diversidade genética detectada em diferentes linhagens e subtipos, resultado da circulação contínua em populações silvestres e domésticas (LI *et al.*, 2025; POSTNIKOVA *et al.*, 2023; YAN *et al.*, 2025).

Figura 15.1 Quantificação das fontes bibliográficas incluídas na revisão, classificadas pela natureza de publicação



A capacidade de gerar novas combinações genéticas está associada tanto a mutações quanto a rearranjos entre cepas distintas, permitindo o surgimento de variantes com diferenças marcantes em patogenicidade, adaptação a hospedeiros e potencial zoonótico. Esse dinamismo evolutivo explica a emergência recorrente de novos subtipos em aves e a necessidade constante de vigilância e caracterização genômica para compreensão da sua relevância sanitária (LI *et al.*, 2025; YAN *et al.*, 2025).

Epidemiologia

A influenza aviária apresenta distribuição cosmopolita, com reservatórios naturais primários em aves aquáticas migratórias (Anseriformes e Charadriiformes). Essas ordens taxonômicas mantêm infecção entérica subclínica e excretam grandes quantidades virais nas fezes, contaminando corpos d'água onde o vírus permanece viável por períodos prolongados. Rotas migratórias intercontinentais facilitam introduções em novos territórios, frequentemente seguidas de transmissão para aves domésticas (HILL *et al.*, 2022; TRESHCHALINA *et al.*, 2022).

Na América do Sul, o H5N1 clado 2.3.4.4b foi detectado pela primeira vez em 2022 em aves selvagens no Chile e Peru, expandindo-se rapidamente para Argentina, Brasil e Uruguai. No Brasil, análises filogenéticas confirmaram relação direta com linhagens norte-americanas, evidenciando disseminação hemisférica contínua do genótipo panOrdem (ARAUJO *et al.*, 2024; VANSTREELS *et al.*, 2025).

Sistemas de produção intensiva representam pontos críticos de amplificação viral devido à alta densidade populacional, movimentação frequente de aves e produtos, e limitações estruturais de biossegurança. Eventos recentes confirmaram mortalidades superiores a 90% em lotes afetados por vírus de alta patogenicidade (HPAIV), com impacto econômico expressivo (HOSTYN *et al.*, 2025).

Além do impacto sanitário na avicultura, episódios recentes evidenciam que a circulação de determinados subtipos também pode ocasionar infecções esporádicas em humanos, geralmente associadas à exposição ocupacional ou

contato próximo com aves infectadas. Embora ainda não haja evidência de transmissão sustentada entre pessoas, esses eventos reforçam a importância da vigilância contínua, da caracterização viral e do monitoramento integrado entre saúde animal e saúde pública para prevenção e resposta a novos eventos epidemiológicos (BLANEY *et al.*, 2025; SUN *et al.*, 2021).

Hospedeiros

Aves aquáticas selvagens funcionam como reservatórios naturais, geralmente sem sintomatologia clínica significativa. Espécies como patos (*Anas* spp.) e gansos (*Anser* spp.) eliminam o vírus por via fecal por períodos prolongados, mantendo-o ambientalmente disponível (KIM *et al.*, 2021).

Aves domésticas apresentam suscetibilidade variável: galinhas (*Gallus gallus domesticus*) e perus desenvolvem formas sistêmicas graves com mortalidade próxima de 100%, enquanto patos domésticos frequentemente atuam como amplificadores assintomáticos (POSTNIKOVA *et al.*, 2023).

Mamíferos têm sido cada vez mais afetados. Suínos funcionam como ambientes com intensa recombinação genética devido à presença de receptores SA-α-2,3-Gal (aviários) e SA-α-2,6-Gal (humanos). Eventos recentes documentaram infecções naturais em bovinos leiteiros, felídeos domésticos, visons e mamíferos marinhos, evidenciando adaptação progressiva do vírus a receptores mammalianos (PEÑA-MOSCA *et al.*, 2025; YANG *et al.*, 2024).

Humanos registram casos esporádicos associados à exposição ocupacional direta (abate, manejo de carcaças). A ausência de transmissão sustentada pessoa-pessoa mantém baixo risco pandêmico atual, embora mutações em PB2 (E627K, D701N) detectadas em alguns isolados sugiram potencial adaptativo (BLANEY *et al.*, 2025; SUN *et al.*, 2021).

Sinais clínicos

Os sinais clínicos da influenza aviária variam conforme a patogenicidade viral, a espécie acometida e as condições de manejo. Vírus de baixa patogenicidade (LPAIV) produzem doença respiratória branda ou declínio produtivo (redução na postura, menor qualidade de ovos, leve aumento de mortalidade), frequentemente confundida com outras infecções respiratórias comuns (POSTNIKOVA *et al.*, 2023).

Em contraste, HPAIV causam quadro peracuto com mortalidade superior a 90% em 48 horas. Características incluem: depressão profunda, inapetência, edema cianótico de crista/barbela, secreções mucosas nasofaríngeas, diarreia aquosa, manifestações neurológicas (torcicolismo, tremores, paralisia das asas) e morte súbita sem sinais prodrômicos. Lesões pós-morte revelam hemorragias múltiplas, edema pulmonar e esplenomegalia (ABBASNIA *et al.*, 2024; MARANDINO *et al.*, 2023).

Aves selvagens afetadas apresentam quadro multissistêmico com predileção pelo sistema nervoso central. Estudos realizados no Reino Unido documentaram distribuição viral ampla e lesões consistentes em encéfalo, coração e pâncreas de diversas espécies (MARTÍ-GARCIA *et al.*, 2025).

Galinhas e perus tendem a desenvolver quadros intensos frente a cepas altamente patogênicas, enquanto patos e gansos frequentemente exibem sinais discretos ou permanecem assintomáticos, contribuindo para a disseminação silenciosa do vírus e representando desafio adicional para o controle sanitário (MARANDINO *et al.*, 2023; POSTNIKOVA *et al.*, 2023).

Transmissão

A disseminação dos vírus influenza aviária ocorre principalmente por contato direto com secreções respiratórias, fezes contaminadas e materiais ambientais sujos, especialmente em

corpos d'água onde aves aquáticas selvagens circulam e depositam o agente infeccioso. O vírus mantém infectividade prolongada em água doce por até 30 dias a 17 °C e em fezes secas por até duas semanas, criando reservatórios ambientais persistentes que favorecem a introdução em granjas próximas a áreas úmidas (HILL *et al.*, 2022; TRESHCHALINA *et al.*, 2022).

Além dessas vias clássicas, estudos recentes demonstraram que a transmissão aérea também desempenha papel relevante, especialmente em galpões de alta densidade com ventilação deficiente. Partículas virais viáveis foram detectadas no ar a mais de 3 metros de aves infectadas, transportadas por aerossois respiratórios e poeira fecalizada, o que explica a rápida disseminação intragalpão mesmo sem contato físico direto (HOSTYN *et al.*, 2025).

A interface entre aves selvagens e domésticas representa um ponto crítico de transmissão interespécies, amplificado por práticas inadequadas como descarte de carcaças em áreas abertas e falta de barreiras físicas. Em humanos, a transmissão ocorre por exposição ocupacional direta, sem evidências de cadeia sustentada entre pessoas até o momento (BLANEY *et al.*, 2025; SUN *et al.*, 2021).

De forma complementar, incursões recentes documentadas nos Estados Unidos demonstraram a ocorrência de transmissão interespecífica de HPAI H5N1 para bovinos, com detecção viral, evidência de replicação e impacto clínico, reforçando que a interação do vírus com mamíferos não representa evento isolado e deve ser considerada no contexto da vigilância sanitária e avaliação de risco (MOSTAFA *et al.*, 2025).

Patogenia

A patogenicidade elevada dos subtipos H5 e H7 resulta da estrutura molecular da hemaglutinina (HA), cuja sequência no sítio de clivagem determina a extensão da infecção sistêmica. Nos vírus altamente patogênicos, a presença de motivos multibásicos permite clivagem por furinas endoplasmáticas ubiquitárias em tecidos extraintestinais, resultando em replicação disseminada e choque multiorgânico. Em contraste, vírus de baixa patogenicidade possuem sítio monobásico restrito a proteases *tripsin-like* do trato respiratório (SILVA, 2024).

Além da HA, outras proteínas virais desempenham papel importante na capacidade de infecção, adaptação e gravidade da doença. Alterações na neuraminidase (NA) favorecem elusão imune e maior liberação viral, enquanto mutações em componentes do complexo ribonucleoproteico, incluindo PB2, PB1, PA e nucleoproteína, aumentam a eficiência replicativa do vírus a 33°C (temperatura nasal humana). Essas características moleculares ajudam a explicar a variação observada entre diferentes subtipos e linhagens, bem como as diferenças de comportamento entre cepas de alta e baixa patogenicidade (SILVA, 2024).

Diagnóstico

A suspeita clínica inicial surge diante de quadros agudos caracterizados por mortalidade superior a 10% em 24 a 48 horas, particularmente em planteis com histórico epidemiológico sugestivo, como proximidade com áreas úmidas frequentadas por aves migratórias, introdução recente de animais sem período quarentenário adequado ou aumento súbito na mortalidade sem causa infecciosa ou nutricional aparente (YAN *et al.*, 2025).

Para confirmação laboratorial, o teste PCR em tempo real para os genes do vírus influenza (matriz viral e subtipos H5N1) é o primeiro passo, detectando o agente diretamente nas amostras com resultados em poucas horas e alta confiabilidade. Esse método permite resposta rápida para ações de controle enquanto testes mais detalhados são processados (YAN *et al.*, 2025).

O isolamento do vírus em ovos embrionados de galinhas livres de patógenos específicos (SPF) permanece essencial para medir exatamente quanto vírus está presente e confirmar suas características antigênicas, embora leve alguns dias. O sequenciamento completo do genoma revela relações filogenéticas entre cepas do vírus, rastreia de onde ele veio e identifica mudanças que podem indicar risco maior para mamíferos ou humanos, como preferência por receptores celulares humanos em vez de apenas aviários (YAN *et al.*, 2025).

Os testes rápidos de fluorescência representam um avanço prático para uso em campo: detectam especificamente o clado H5 2.3.4.4b nas fezes das galinhas em menos de 15 minutos. Eles usam proteínas especiais do vírus produzidas em laboratório (sem a parte que fica presa na membrana celular) que brilham quando encontram o vírus verdadeiro nas amostras, permitindo decisões imediatas mesmo longe de laboratórios equipados (DUONG *et al.*, 2022).

Assim, essa combinação de testes rápidos de campo, análises laboratoriais tradicionais e sequenciamento genético moderno permite não só confirmar a doença rapidamente, mas também acompanhar como o vírus está evoluindo e se adaptando a novos hospedeiros em tempo real (YAN *et al.*, 2025).

Esses sistemas de diagnóstico rápido baseados em fluorescência utilizam proteínas modificadas do vírus que reagem e brilham ao detectar o agente nas amostras, conforme ilustrado na **Figura 15.2**, que representa o processo de preparação e utilização desses componentes no sistema diagnóstico (DUONG *et al.*, 2022).

Controle e prevenção

O sucesso no manejo da influenza aviária depende fundamentalmente de um conjunto bem estruturado de medidas de biossegurança implementadas nas propriedades avícolas. É essencial contar com barreiras físicas eficientes, incluindo cercas altas e robustas que impeçam a entrada de aves selvagens, além de um planejamento operacional que garanta fluxo unidirecional claro: das áreas de criação para o processamento dos produtos e, por fim, para o descarte adequado dos resíduos.

Figura 15.2 Fluxo de preparação e aplicação do sistema diagnóstico fluorescente recombinante para detecção de H5N1 em amostras clínicas



Nota: O esquema ilustra a construção do plasmídeo contendo o gene da hemaglutinina H5, a transfecção e expressão em células hospedeiras, a aplicação no ensaio de hemaglutinação com diluições seriadas da amostra e a leitura fluorescente para identificação do vírus. **Fonte**: Elaborado com base em DUONG *et al.*, 2022.

Os sistemas de ventilação positiva, equipados com filtros HEPA de alta performance, devem trabalhar em conjunto com o tratamento térmico dos efluentes, elevando a temperatura acima de 71 °C por um período mínimo de 30 minutos para assegurar a destruição completa de qualquer partícula viral presente. Além dis-

so, restrições rigorosas ao movimento de pessoas e veículos, com revezamento obrigatório de equipamentos de proteção individual previamente higienizados, completam esse arcabouço preventivo básico (HILL *et al.*, 2022; TRESHCHALINA *et al.*, 2022).

A vigilância ativa demanda coletas semanais regulares de amostras cloacais e orofaríngeas, processadas em *pools* de até dez aves para tornar viável o monitoramento em planteis de grande porte. A vigilância passiva, por sua vez, torna compulsória a notificação imediata diante de qualquer aumento de mortalidade superior a 5% em 24 horas. Em casos de surto confirmado, delimita-se uma zona de proteção de 3 km com quarentena absoluta, procedendo-se ao abate sanitário no local por incineração e liberando o repovoamento somente após três coletas consecutivas negativas (KIM *et al.*, 2021).

Pesquisas recentes destacam ainda a transmissão aerotransportada como fator crítico em ambientes de alta densidade, onde partículas virais viáveis viajam pelo ar em gotículas respiratórias e poeira contaminada (HOSTYN *et al.*, 2025). A vacinação estratégica surge como apoio em áreas endêmicas, utilizando formulações DIVA que distinguem aves imunizadas das infectadas por meio de marcadores como o reovírus da doença de Newcastle, mas nunca como substituto às medidas estruturais que realmente quebram a cadeia epidemiológica (SUN *et al.*, 2021).

CONCLUSÃO

A IAAP permanece como desafio complexo que atravessa fronteiras ecológicas e produtivas, conforme evidenciado pela revisão dos aspectos epidemiológicos, clínicos, diagnósticos e preventivos abordados. O vírus H5N1 clado 2.3.4.4b, com sua capacidade de circular silenciosamente em aves aquáticas migratórias e resultar em surtos de grande magnitude em sistemas de produção avícola de alta densidade, demonstra que os reservatórios naturais e os sistemas intensivos formam uma interface perigosa amplificada por rotas migratórias intercontinentais e falhas pontuais de biossegurança.

A compreensão detalhada do agente etiológico e dos mecanismos patogênicos esclarece por que cepas emergentes ganham tropismo para mamíferos, incluindo bovinos leiteiros recentemente afetados e casos humanos ligados à exposição direta. Essa dinâmica evolutiva, somada à transmissão fecal-oral persistente em água doce e à aerossolização subestimada em galpões confinados, reforça a necessidade de vigilância ambiental integrada que capture circulações discretas antes do transbordamento zoonótico para produção comercial.

Os sinais clínicos variáveis demandam diagnóstico escalonado que combine testes rápidos fluorescentes de campo com PCR em tempo real, isolamento em ovos SPF e sequenciamento genômico. Tais ferramentas, aliadas a protocolos de controle com barreiras perimetrais eletrificadas, ventilação HEPA, fluxo unidirecional e vacinação DIVA estratégica, provam-se eficazes quando aplicadas com rigor, mas revelam limitações em pequenas propriedades e regiões remotas.

Diante desse panorama, o enfrentamento demanda articulação prática da saúde única, por meio de redes nacionais de sequenciamento regional, capacitação em biossegurança para produtores familiares, plataformas digitais de notificação em tempo real e exercícios intersetoriais entre MAPA, MMA e saúde pública. Caso essas integrações operacionais estejam ausentes, o risco de surtos maiores e eventos zoonóticos persiste, comprometendo não apenas a avicultura mas a segurança sanitária global.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABBASNIA, M. *et al*. Effect of enrofloxacin on clinical parameters and mucociliary system of broilers challenged with H9N2 avian influenza/infectious bronchitis viruses. Veterinary Medicine and Science, v. 10, p. 1390, 2024. doi: 10.1002/vms3.1390.

ARAUJO, A.C. *et al*. Incursion of highly pathogenic avian influenza A (H5N1) clade 2.3.4.4b virus, Brazil, 2023. Emerging Infectious Diseases, v. 30, p. 1153, 2024. doi: 10.3201/eid3003.231157.

BLANEY, K. *et al*. Responding to avian influenza in poultry farms in Victoria, Australia. Bulletin of the World Health Organization, v. 103, p. 437, 2025. doi: 10.2471/BLT.24.292748.

DUONG, B.T. *et al*. Development of a rapid fluorescent diagnostic system for early detection of the highly pathogenic avian influenza H5 clade 2.3.4.4 viruses in chicken stool. International Journal of Molecular Sciences, v. 23, p. 6301, 2022. doi: 10.3390/ijms23116301.

HILL, N.J. *et al*. Ecological divergence of wild birds drives avian influenza spillover and global spread. PLoS Pathogens, v. 18, e1010062, 2022. doi: 10.1371/journal.ppat.1010062.

HOSTYN, P. *et al*. Detection, transmission and spread of airborne avian influenza and Newcastle disease viruses: experimental and field investigations. Veterinary Research, v. 56, p. 102, 2025. doi: 10.1186/s13567-025-01533-9.

KIM, E.H. *et al*. Pathogenic assessment of avian influenza viruses in migratory birds. Emerging Microbes & Infections, v. 10, p. 565, 2021. doi: 10.1080/22221751.2021.1899769.

LI, M. *et al*. Epidemiology, evolution, and biological characteristics of H3 avian influenza viruses isolated from chickens in China. One Health, v. 21, p. 101153, 2025. doi: 10.1016/j.onehlt.2025.101153.

MARANDINO, A. *et al*. Spreading of the high-pathogenicity avian influenza (H5N1) virus of clade 2.3.4.4b into Uruguay. Viruses, v. 15, p. 1906, 2023. doi: 10.3390/v15091906.

MARTÍ-GARCIA, B. *et al*. Natural infections of highly pathogenic avian influenza virus H5N1 in wild birds between 2020 and 2023 in the UK: lesions, viral distribution and neurotropism. Veterinary Research, v. 56, p. 218, 2025. doi: 10.1186/s13567-025-01656-z.

MOSTAFA, A. *et al*. Highly pathogenic avian influenza H5N1 in the United States: recent incursions and spillover to cattle. Npj Viruses, v. 3, p. 54, 2025. doi: 10.1038/s44298-025-00138-5.

PEÑA-MOSCA, F. *et al*. The impact of highly pathogenic avian influenza H5N1 virus infection on dairy cows. Nature Communications, v. 16, p. 6520, 2025. doi: 10.1038/s41467-025-61553-z.

POSTNIKOVA, Y. *et al*. Evolutionary dynamics of avian influenza viruses isolated from wild birds in Moscow. International Journal of Molecular Sciences, v. 24, p. 3020, 2023. doi: 10.3390/ijms24033020.

RAPI, M.C. *et al*. Virological passive surveillance of avian influenza and arboviruses in wild birds: a two-year study (2023–2024) in Lombardy, Italy. Microorganisms, v. 13, p. 958, 2025. doi: 10.3390/microorganisms13050958.

SILVA, L.M.N. Vigilância genômica e caracterização dos vírus da influenza aviária H5N1 de alta patogenicidade e do vírus da doença de Newcastle virulento em animais silvestres do Brasil: relevância para a saúde única e as políticas públicas [tese]. Pirassununga: Universidade de São Paulo, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, 2024.

SUN, Y. *et al*. Computational predicting the human infectivity of H7N9 influenza viruses isolated from avian hosts. Transboundary and Emerging Diseases, v. 68, p. 846, 2021. doi: 10.1111/tbed.13750.

TRESHCHALINA, A. *et al*. Monitoring of avian influenza viruses and paramyxoviruses in ponds of Moscow and the Moscow Region. Viruses, v. 14, p. 2624, 2022. doi: 10.3390/v14122624.

VANSTREELS, R.E.T. *et al*. Novel highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus, Argentina, 2025. Emerging Infectious Diseases, v. 31, e250783, 2025. doi: 10.1101/2025.05.23.655175.

YAN, C. *et al*. Characterization of emerging H3N3 avian influenza viruses in poultry in China. Emerging Microbes & Infections, v. 14, p. 2509748, 2025. doi: 10.1080/22221751.2025.2509748.

YANG, J. *et al*. Isolation and characterization of genotype 4 Eurasian avian-like H1N1 influenza virus in pigs suffering from pneumonia. Virology, v. 592, p. 110009, 2024. doi: 10.1016/j.virol.2024.110009.

ZHANG, C. *et al*. Emergence of a novel reassortant H3N3 avian influenza virus with enhanced pathogenicity and transmissibility in chickens in China. Veterinary Research, v. 56, p. 56, 2025. doi: 10.1186/s13567-025-01484-1.