

MESTRADO
MEDICINA LEGAL

As GAIVOTAS COMO RESERVATÓRIO DO VÍRUS INFLUENZA: RISCOS PARA A SAÚDE PÚBLICA

Shirley Paula Silva Cabral Santos

M

2025



INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOMÉDICAS ABEL SALAZAR



Shirley Paula Silva Cabral Santos

**AS GAIVOTAS COMO RESERVATÓRIO DO VÍRUS INFLUENZA: RISCOS PARA A
SAÚDE PÚBLICA?**

Dissertação de Candidatura ao grau de
Mestre em Medicina Legal submetida ao
Instituto de Ciências Biomédicas de Abel
Salazar da Universidade do Porto.

Orientador – Irina Ferraz Amorim Cruz
Co-orientador-João Rodrigo Gonçalves Mesquita

Afiliação – Instituto de Ciências
Biomédicas Abel Salazar da
Universidade do Porto

Agradecimentos

Este trabalho só foi possível graças ao apoio, à colaboração e ao incentivo de muitas pessoas, às quais registro aqui minha mais sincera gratidão.

Agradeço à minha orientadora, Irina Cruz, pela oportunidade de desenvolver este estudo sob sua supervisão, pelas orientações transmitidas e pelas contribuições oferecidas ao longo do percurso. Sua experiência acadêmica e suas observações foram importantes para o direcionamento deste estudo. Estendo meus agradecimentos ao coorientador, João Mesquita, pelo apoio e pelas observações que enriqueceram este estudo.

Aos colegas e amigos que estiveram ao meu lado durante o mestrado, agradeço pela convivência, pelo companheirismo nas horas de dificuldade e pela leveza nos momentos de descontração. Vocês tornaram a caminhada menos árdua e mais significativa

À minha família, deixo minha mais profunda e eterna gratidão. Aos meus pais, Jorge e Jocelina pelo amor incondicional, pelo exemplo de força e perseverança, e por acreditarem em mim mesmo nos momentos em que eu duvidava de mim mesma. Tudo o que conquistei até aqui só foi possível porque tive em vocês minha base, meu porto seguro e minha maior inspiração. Aos meus irmãos e demais familiares, agradeço pela torcida constante, pelas palavras de apoio e pelo carinho que tantas vezes me deram forças para seguir em frente.

Por fim, agradeço a todos aqueles que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho e para o meu desenvolvimento. Cada palavra de incentivo, cada gesto de apoio e cada demonstração de amizade tiveram um valor imensurável para mim.

Resumo

A gripe aviária, causada pelo vírus Influenza A, constitui uma ameaça relevante à saúde pública, devido à capacidade de mutação e recombinação genética do vírus e sua capacidade de transmissão interespecie. As aves aquáticas selvagens são reconhecidas como reservatórios naturais deste vírus, com destaque para as gaivotas, cuja adaptação crescente a ambientes urbanos promove riscos adicionais de disseminação.

Este estudo tem como objetivo avaliar o papel das gaivotas como reservatórios do vírus Influenza A e discutir as implicações associadas à sua proximidade com populações humanas e outras aves domésticas.

Foi realizada uma revisão integrativa da literatura científica publicada entre 2005 e 2025, consultando bases de dados internacionais e relatórios institucionais. Os critérios de inclusão permitiram a seleção de dezoito estudos que analisaram diferentes espécies de gaivotas em vários contextos geográficos, avaliando a prevalência e diversidade dos subtipos virais detetados.

A análise demonstrou que os subtipos H13 e H16 são os mais frequentemente associados às populações de gaivotas, confirmando o seu papel como reservatórios especializados. Contudo, foram também identificados subtipos de elevada patogenicidade, como H5N1 e H7N9, indicando que estas aves podem atuar como potenciais dispersores de variantes com impacto epidemiológico significativo. O caso específico da cidade do Porto foi discutido como exemplo da crescente interação entre gaivotas, ambientes urbanos e comunidades humanas.

Conclui-se que a vigilância epidemiológica dirigida às populações de gaivotas é fundamental para antecipar riscos e prevenir surtos, devendo integrar-se numa abordagem *One Health*, que articule saúde animal, humana e ambiental. Esta perspetiva permite reforçar estratégias de prevenção e resposta perante potenciais pandemias associadas ao vírus Influenza A.

Palavras-chave: Influenza A; gaivotas; gripe aviária; zoonoses; saúde pública; *One Health*.

Abstract

Avian influenza, caused by the Influenza A virus, represents a significant threat to public health due to its ability to mutate, undergo genetic reassortment, and cross species barriers. Wild aquatic birds are recognized as natural reservoirs of this virus, with gulls standing out as species increasingly adapted to urban environments, thereby posing additional risks of dissemination. This dissertation aims to evaluate the role of gulls as reservoirs of Influenza A virus and to discuss the implications of their proximity to human populations and domestic birds.

An integrative review of the scientific literature published between 2005 and 2025 was conducted, consulting international databases and institutional reports. The inclusion criteria allowed for the selection of eighteen studies that investigated different gull species across various geographic contexts, assessing the prevalence and diversity of detected viral subtypes.

The analysis showed that subtypes H13 and H16 are most frequently associated with gull populations, confirming their role as specialized reservoirs. However, highly pathogenic subtypes such as H5N1 and H7N9 were also identified, indicating that gulls may act as potential dispersers of variants with significant epidemiological impact. The specific case of the city of Porto was discussed as an example of the growing interaction between gulls, urban environments, and human communities.

It is concluded that epidemiological surveillance targeted at gull populations is essential to anticipate risks and prevent outbreaks and should be integrated into a One Health approach that links animal, human, and environmental health. This perspective reinforces prevention and response strategies against potential pandemics associated with the Influenza A virus.

Keywords: Influenza A; gulls; avian influenza; zoonoses; public health; One Health.

Abreviaturas

CDC – Centers for Disease Control and Prevention

CIIMAR – Centro Interdisciplinar de Investigação Marinha e Ambiental

DGAV – Direção-Geral de Alimentação e Veterinária

ELISA – Enzyme-Linked Immunosorbent Assay

FAO – Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura

HA – Hemaglutinina

HPAI – Highly Pathogenic Avian Influenza (Influenza Aviária de Alta Patogenicidade)

IAV – Vírus da Influenza do tipo A

Kb – Kilobases

LPAIV – Low Pathogenic Avian Influenza Virus (Influenza Aviária de Baixa Patogenicidade)

NA – Neuraminidase

NEP – Nuclear Export Protein

NLS – Nuclear Localization Signal

NP – Nucleoproteína

OMS – Organização Mundial da Saúde

PA – Polymerase Acidic Protein

PCR – Polymerase Chain Reaction

RE – Retículo Endoplasmático

RNA – Ribonucleic Acid (Ácido Ribonucleico)

RT – Reverse Transcription

RT-PCR – Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction

USDA – United States Department of Agriculture

WHO – World Health Organization (Organização Mundial da Saúde)

WOAH – World Organization for Animal Health (Organização Mundial de Saúde Animal)

vRNPs- Ribonucleoproteínas virais

cRNA-Polimerase viral sintetiza cópias complementares

Índice

1.Introdução.....	9
2.Revisão da literatura.....	12
2.1. Classificação do vírus Influenza	12
2.2. Morfologia e a replicação viral.....	14
2.3. Evolução do vírus	18
3.As Gaivotas como Reservatórios do Vírus	20
3.1. Gaivotas em ambiente urbano: Porto, Portugal	22
4.Riscos para a saúde pública.....	24
5. Importância da Vigilância Epidemiológica	26
6.Metodologia	28
7.1. Distribuição geográfica dos estudos.....	36
7.2. Caracterização geral e técnicas de amostragem dos vários estudos.....	37
7.3. Detecção do vírus influenza e diversidade antigénica.....	37
8. Discussão	40
9. Conclusão	42
10.Bibliografia.....	44

Índice de ilustrações

Figure1.Estrutura do vírus Influenza A.	15
Figure2.Representação esquemática do ciclo de infeção do IAV na célula hospedeira	17
Figure3.Distribuição dos subtipos de vírus Influenza A detetados em gaivotas.	39

Índice de tabelas

Table1.Critérios de inclusão e exclusão	29
Table2.Resultados dos estudos.....	30

1.Introdução

As doenças zoonóticas representam um dos maiores desafios para a saúde pública global, constituindo uma ameaça constante à saúde e à estabilidade socioeconómica das populações. Estima-se que mais de 70% das doenças emergentes em humanos tenham origem em animais silvestres, reforçando a necessidade de compreender as interações entre ecossistemas, agentes patogénicos e sociedades humanas (World Health Organization [WHO], 2025). Entre os vírus de maior relevância encontra-se o Influenza A, pertencente à família *Orthomyxoviridae*, cuja capacidade de adaptação e variabilidade genética lhe conferem um papel central na história das pandemias e nas atuais ameaças zoonóticas.

O vírus Influenza A possui um genoma segmentado de RNA de fita simples e polaridade negativa, o que lhe confere uma notável versatilidade genética. Essa característica permite a ocorrência de mutações e de recombinações genéticas entre estirpes distintas, promovendo o surgimento de variantes capazes de escapar à imunidade previamente adquirida e de causar surtos epidémicos ou pandémicos (Taubenberger & Kash, 2010). Globalmente, as epidemias sazonais de influenza causam entre 3 a 5 milhões de casos graves e entre 290.000 a 500.000 mortes por ano, além de elevados custos económicos e sociais, constituindo um problema recorrente de saúde pública (WHO, 2025).

A história moderna testemunhou várias pandemias de Influenza A, sendo a mais devastadora a Gripe Espanhola de 1918–1919 (H1N1), responsável por mais de 50 milhões de mortes em todo o mundo, com impacto demográfico e económico sem precedentes (Taubenberger & Kash, 2010). Outras pandemias relevantes foram a de 1957–1958 (H2N2, “Gripe Asiática”), que resultou em cerca de 1,5 a 2 milhões de mortes, e a de 1968–1969 (H3N2, “Gripe de Hong Kong”), com aproximadamente 1 milhão de vítimas. Mais recentemente, em 2009, surgiu a pandemia de H1N1pdm09, originada a partir de um rearranjo complexo entre vírus suínos, aviários e humanos, causando mais de 200.000 mortes no primeiro ano (Monto & Fukuda, 2020). Estes episódios demonstram a imprevisibilidade do vírus e a necessidade de vigilância contínua dos seus reservatórios animais.

Entre estes reservatórios, destacam-se as aves aquáticas silvestres, que desempenham um papel central na manutenção e circulação do vírus Influenza A.

Segundo Webster et al. (1992), as ordens Anseriformes (patos, gansos, cisnes) e Charadriiformes (gaivotas) atuam como reservatórios naturais dos vírus da influenza A, sendo a infecção geralmente assintomática nestas aves. Contudo, estudos recentes demonstram que estirpes de influenza aviária altamente patogénica (HPAI), nomeadamente H5N8 e H5N1 (clado 2.3.4.4b), têm causado mortalidade significativa em aves selvagens. Foram registados episódios de mortalidade em massa na Europa e América do Norte, incluindo surtos no Canadá com mais de 40 mil aves selvagens afetadas em 2024 (Avery-Gomm et al. 2024) nos Países Baixos durante o inverno de 2016–2017 (Kuiken et al., 2018) e em populações de maçaricos como os pilritos-das-praias (*Calidris alba*) na costa atlântica dos Estados Unidos. Estes dados sugerem uma alteração na dinâmica eco epidemiológica do vírus, passando de infeções tradicionalmente assintomáticas para eventos de elevada mortalidade em populações selvagens (WOAH, s.d; The Guardian, 2025; The Sun, 2025).

A transmissão dá-se principalmente por via fecal-oral, através da contaminação de águas superficiais, sendo que o vírus pode permanecer viável durante semanas ou até meses, dependendo da temperatura e salinidade (Huang, 2014). Estas características ecológicas explicam a sua persistência em habitats naturais e a sua disseminação ao longo de rotas migratórias intercontinentais.

Nos últimos anos, as gaivotas (família *Laridae*) têm merecido especial atenção devido ao seu papel emergente como reservatórios do vírus Influenza A. São aves oportunistas, altamente adaptáveis e cosmopolitas, capazes de explorar ambientes costeiros e urbanos, incluindo aterros sanitários, portos de pesca e áreas agrícolas. Esta proximidade com atividades humanas aumenta a probabilidade de contacto com aves domésticas e mamíferos, criando oportunidades para a transmissão cruzada e para eventos de *spillover*¹. (Ineson et al., 2021)

Do ponto de vista epidemiológico, as gaivotas estão fortemente associadas aos subtipos H13 e H16, considerados característicos deste grupo de aves e raramente encontrados noutras espécies (Lindh et al., 2017). No entanto, têm sido reportadas infeções por subtipos de maior preocupação, como H5 e H7, tradicionalmente associados a surtos de alta patogenicidade em aves domésticas. A possibilidade de coinfeções nestas aves levanta preocupações sobre o papel das gaivotas como

¹ *Spillover*: termo inglês que designa o transbordo ou passagem de um agente patogénico de uma espécie hospedeira para outra.

facilitadoras de recombinações genéticas, com potencial para gerar novas variantes zoonóticas (Peacock et al., 2025).

Estudos recentes demonstraram ainda que juvenis de gaivota apresentam taxas de infecção mais elevadas, sobretudo durante a migração outonal, devido à ausência de imunidade acumulada, funcionando como importantes amplificadores da transmissão viral nas populações (Ineson et al., 2021). Esta dinâmica, associada à sua capacidade de dispersão intercontinental, torna as gaivotas importantes vetores ecológicos, capazes de transportar o vírus por milhares de quilómetros e introduzi-lo em novos ecossistemas.

Os surtos recentes de Influenza Aviária Altamente Patogénica (HPAI) reforçam estas preocupações. O subtipo H5N1 da clade 2.3.4.4b disseminou-se entre 2021 e 2023 pelas Américas, Europa e Ásia, afetando aves selvagens, aves domésticas e várias espécies de mamíferos, incluindo raposas, leões-marinhos e lontras (Peacock et al., 2025). A deteção deste vírus em populações de gaivotas é particularmente significativa, não apenas pelo impacto na vida selvagem, mas também pelo risco de transmissão indireta a humanos, através da contaminação de águas, contacto com carcaças ou interação em ambientes costeiros e urbanos. Trabalhadores de aterros, portos e explorações avícolas são considerados grupos de risco ocupacional (U.S. Department of Agriculture [USDA], 2025).

Face a este panorama, torna-se evidente a importância de adotar a abordagem *One Health*, que reconhece a interdependência entre saúde humana, animal e ambiental. A monitorização sistemática de aves selvagens, incluindo gaivotas, constitui uma ferramenta fundamental para a deteção precoce de variantes com potencial zoonótico e para a implementação de medidas preventivas eficazes. Políticas de vigilância integrada devem contemplar a realização de análises virológicas em populações migratórias, o reforço das medidas de biossegurança em explorações avícolas localizadas junto a habitats de gaivotas, programas de educação sanitária em comunidades costeiras e mecanismos de cooperação internacional, dada a natureza transfronteiriça da disseminação viral (Wille & Barr, 2022).

Compreender o papel das gaivotas na ecologia do vírus Influenza A é, portanto, crucial para a avaliação de riscos à saúde pública e para o desenvolvimento de estratégias de prevenção e mitigação.

2.Revisão da literatura

2.1. Classificação do vírus Influenza

O vírus Influenza integra a família *Orthomyxoviridae* e constitui um dos agentes respiratórios mais importantes em termos de morbidade e mortalidade humana e animal. Esta família é composta por quatro tipos principais de vírus (A, B, C e D) classificados de acordo com a sua estrutura antigénica, características genéticas, patogenicidade e gama de hospedeiros (Krammer et al., 2018; Monto & Fukuda, 2020).

O vírus Influenza A é, de longe, o mais relevante para a saúde pública (WHO,2025). Apresenta uma enorme diversidade genética e é capaz de infetar uma ampla gama de hospedeiros, incluindo aves aquáticas selvagens, aves domésticas, suínos, equinos, cães, gatos, focas e humanos. Essa ampla diversidade reflete a sua notável capacidade de adaptação a diferentes espécies e ambientes, consequência direta da sua variabilidade genómica e antigénica (Taubenberger & Kash, 2010). É também o único tipo de Influenza responsável por pandemias, como a de 1918 (H1N1), 1957 (H2N2), 1968 (H3N2) e 2009 (H1N1pdm09).

O vírus Influenza B, embora responsável por epidemias sazonais significativas, circula quase exclusivamente entre humanos, com raros casos reportados em focas (Osterhaus et al.,2000). Está dividido em duas linhagens principais, **B/Yamagata** e **B/Victoria**, que co circulam sazonalmente e contribuem para a carga global de doença, sobretudo em crianças e adolescentes. Ao contrário do tipo A, nunca esteve associado a pandemias, refletindo uma variabilidade genética muito mais limitada (Monto & Fukuda, 2020).

O vírus Influenza C apresenta uma distribuição mais restrita, infetando humanos e suínos (Matsuzaki et al., 2006). Geralmente causa infeções respiratórias ligeiras e autolimitadas, particularmente em crianças, sem impacto significativo em termos de saúde pública (Webster et al., 1992).

Mais recentemente, foi identificado o vírus Influenza D, inicialmente em suínos e mais tarde em bovinos, que parecem constituir o seu hospedeiro primário (Hause et al., 2013). Embora ainda não tenha sido associado a infeções humanas confirmadas, estudos serológicos sugerem que trabalhadores em contacto com gado podem estar

expostos ao vírus, o que levanta a possibilidade de um potencial zoonótico em investigação. (Liu et al., 2020)

Dentro do tipo A, a classificação é ainda mais detalhada e baseia-se nas glicoproteínas de superfície: a hemaglutinina (HA) e a neuraminidase (NA). Até à data, foram identificados 18 subtipos de HA (H1-H18) e 11 subtipos de NA (N1-N11), o que permite inúmeras combinações possíveis (Krammer et al., 2018). A grande maioria destes subtipos circula de forma assintomática em aves aquáticas selvagens, que constituem os principais reservatórios naturais. Contudo, apenas alguns subtipos conseguiram adaptar-se de forma estável ao ser humano, nomeadamente H1N1, H2N2 e H3N2, todos eles implicados em pandemias do século XX. Outros subtipos aviários, como H5N1 e H7N9, têm sido responsáveis por infeções zoonóticas ocasionais em humanos, com taxas de mortalidade elevadas, mas ainda sem transmissão sustentada entre pessoas (Horimoto & Kawaoka, 2005; (Peacock et al., 2025).

A diversidade de hospedeiros do Influenza A e a sua capacidade de cruzar barreiras de espécie tornam este vírus particularmente perigoso. A sobreposição de habitats entre aves selvagens, aves domésticas e mamíferos, como suínos, cria oportunidades únicas para coinfeções e para o surgimento de novas variantes com potencial pandémico (Wille & Barr, 2022).

A transmissão do vírus ocorre principalmente por contacto com secreções respiratórias ou excreções fecais contaminadas, permitindo a disseminação sistémica (Centers for Disease Control and Prevention [CDC], 2025). A elevada taxa de mutação dos vírus Influenza A e B contribui para a sua grande transmissibilidade, resultando em elevados níveis de morbidade e mortalidade anuais (Monto & Fukuda, 2020).

O sistema global de vigilância da gripe, coordenado pela Organização Mundial da Saúde (OMS) permite identificar os reservatórios naturais, reconhecer as espécies com maior risco de transmissão cruzada e orientar medidas de vigilância e prevenção em saúde pública. A monitorização contínua da diversidade genética do Influenza, em especial do tipo A, é essencial para antecipar o surgimento de novas variantes com potencial zoonótico e pandémico, reforçando a necessidade de uma abordagem integrada no âmbito do conceito *One Health*.

2.2. Morfologia e a replicação viral

O vírus Influenza A apresenta um genoma segmentado de RNA de fita simples e polaridade negativa, com cerca de 13 kilobases (kb), organizado em oito segmentos. Estes codificam pelo menos 13 proteínas funcionais, que se dividem entre estruturais, não estruturais e enzimáticas (Krammer et al., 2018). A organização segmentada é uma das principais características que conferem ao vírus a sua enorme capacidade de variabilidade genética, permitindo fenómenos de recombinação quando dois vírus distintos coinfetam a mesma célula hospedeira.

Entre as proteínas estruturais, destacam-se a HA e a NA, glicoproteínas de superfície que desempenham papéis fundamentais no ciclo viral. A HA é responsável pela ligação inicial do vírus a recetores de ácido siálico da célula hospedeira e pela fusão da membrana viral com a endossomal, permitindo a entrada do genoma no citoplasma. É também o principal alvo da resposta imunitária adaptativa, sofrendo mutações frequentes que lhe conferem capacidade de escape (Chauhan & Gordon, 2022). A NA atua no final do ciclo, promovendo a libertação das partículas virais recém-formadas ao clivar resíduos de ácido siálico, prevenindo a agregação de viriões e facilitando a disseminação (Krammer et al., 2018).

A Figura 1 apresenta de forma esquemática a estrutura do vírus Influenza A, evidenciando a disposição das suas principais proteínas de superfície (HA, NA e M2) inseridas na bicamada lipídica, bem como os componentes internos responsáveis pela integridade e replicação viral. Esta representação permite visualizar de forma clara a complexidade estrutural do vírus e compreender a função específica de cada proteína na sua dinâmica infecciosa.

A proteína de matriz M1 constitui a principal componente estrutural interna, revestindo o envelope viral e assegurando a integridade e estabilidade do virião. Participa ainda na montagem das novas partículas. A M2, por sua vez, é um canal iónico responsável pela entrada de prótons após a endocitose, promovendo a acidificação do interior viral. Esse processo desencadeia a dissociação das ribonucleoproteínas virais (vRNPs) da matriz, permitindo a libertação do genoma (Chauhan & Gordon, 2022).

A nucleoproteína (NP) associa-se a cada segmento do RNA, formando os complexos de ribonucleoproteína (vRNPs). Esta proteína garante a estabilidade do genoma e

possui sinais de localização nuclear que permitem a importação para o núcleo da célula, onde decorrem a replicação e a transcrição viral (Mehle & Doudna, 2009).

O complexo polimerase viral é constituído pelas subunidades PB1, PB2 e PA. O PB1 atua como subunidade catalítica, assegurando a síntese de novas cadeias de RNA. O PB2 reconhece e liga-se às extremidades de RNA mensageiro do hospedeiro, num processo conhecido como *cap-snatching*². O PA possui atividade endonuclease, cortando fragmentos de RNA do hospedeiro para viabilizar a transcrição (Chauhan & Gordon, 2022). Este complexo explica a extraordinária capacidade do Influenza de se adaptar a novos hospedeiros.

Entre as proteínas não estruturais, a NS1 desempenha um papel crucial na supressão da resposta imunitária inata, inibindo a produção de interferões e facilitando a replicação viral (Kochs et al., 2007). Já a NS2, também conhecida como proteína exportadora nuclear (NEP), regula o transporte das vRNPs do núcleo para o citoplasma, preparando a montagem dos novos viriões.

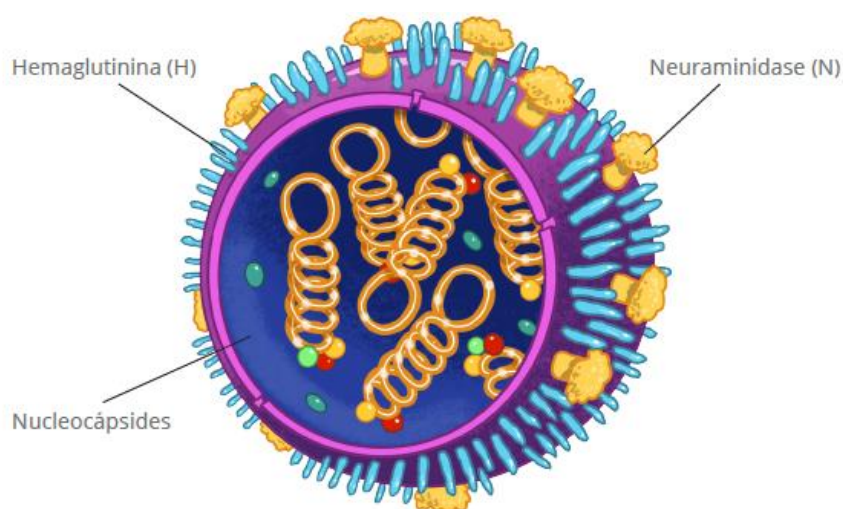


Figure1 .Estrutura do vírus Influenza A. Fonte: Nogueira & Ponce (2019, p. 31)

² O *cap-snatching* consiste na clivagem das extremidades 5' metilada de RNAs mensageiros do hospedeiro, utilizadas como iniciadores na síntese do RNA viral.

Ciclo de replicação viral

O vírus da Influenza apresenta um ciclo de vida intracelular altamente coordenado e dependente de múltiplas interações entre proteínas virais e fatores celulares, representadas na figura 2.

O ciclo de replicação do vírus Influenza A pode ser descrito em três etapas principais, determinantes para o estabelecimento da infecção viral, a disseminação e a patogênese: entrada na célula hospedeira, replicação e transcrição nuclear, e montagem e libertação dos novos viriões (Chauhan & Gordon, 2022).

1. **Entrada** – A infecção inicia-se quando a hemaglutinina viral reconhece recetores de ácido siálico presentes na superfície celular: α -2,3 em aves, α -2,6 em humanos e ambos em suínos, que funcionam como hospedeiros intermédios. Esta ligação desencadeia a endocitose mediada por clatrina. No interior do endossoma, a acidificação induzida por bombas de prótons provoca uma mudança conformacional na HA2, permitindo a fusão da membrana viral com a endossomal. Paralelamente, o canal iónico M2 facilita a entrada de prótons no interior do virião, promovendo o desnudamento do genoma viral. Como resultado, as ribonucleoproteínas virais são libertadas no citoplasma e rapidamente transportadas para o núcleo através de sinais de localização nuclear presentes em proteínas como NP, PB2 e NEP. (Dou et al., 2018)
2. **Replicação e transcrição nuclear** – O núcleo é o local central da multiplicação do vírus Influenza A. As vRNPs servem de molde para a síntese de mRNA viral mediada pelo complexo polimerase, constituído pelas proteínas PB1, PB2 e PA. O processo caracteriza-se pelo mecanismo de *cap-snatching*: a PB2 reconhece a extremidade 5' metilada dos mRNAs celulares, a PA atua como endonuclease cortando o fragmento e a PB1 inicia a transcrição viral. Os mRNAs resultantes são poliadenilados e exportados para o citoplasma, onde são traduzidos em proteínas virais. Proteínas estruturais internas (PB1, PB2, PA, NP, M1, NS1, NEP) são sintetizadas em ribossomas livres, enquanto as glicoproteínas de membrana (HA, NA, M2) são traduzidas em ribossomas associados ao retículo endoplasmático rugoso, processadas no complexo de Golgi e transportadas em vesículas até à membrana plasmática. Importa referir que a replicação do RNA viral genómico ocorre de forma distinta da transcrição: a polimerase viral

sintetiza cópias complementares (cRNA), que por sua vez servem de molde para a produção de novas vRNPs. (Eisfeld et al., 2015)

3. **Montagem e liberação** – Após a tradução, as vRNPs recém-formadas associam-se às proteínas M1 e NEP e são exportadas do núcleo com auxílio da proteína celular CRM1. No citoplasma, deslocam-se em vesículas associadas à proteína Rab11, guiadas por microtúbulos e moduladas por YB-1, até atingirem a membrana plasmática. A montagem viral ocorre em regiões específicas da membrana, enriquecidas em colesterol e glicoproteínas virais, onde a proteína M1 atua como matriz organizadora. A proteína M2 desempenha papel crucial na curvatura e brotamento da membrana. As glicoproteínas HA e NA, já inseridas na bicamada lipídica, completam a estrutura do virião. Finalmente, a neuraminidase cliva resíduos de ácido siálico da superfície celular, permitindo a liberação dos novos viriões e prevenindo a autoaglutinação. Este processo contínuo assegura a propagação viral e a manutenção da infecção. (Chauhan & Gordon, 2022; Hutchinson et al., 2014).

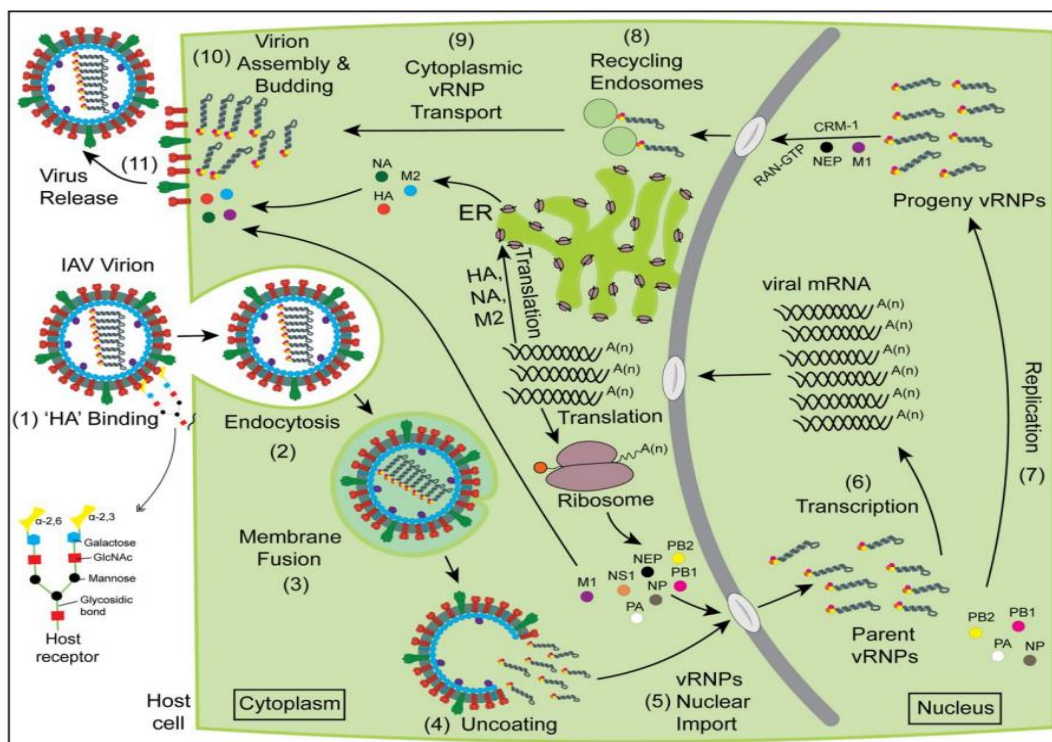


Figure2.Representação esquemática do ciclo de infecção do IAV na célula hospedeira.
Fonte: Chauhan & Gordon (2022, p. 263)

2.3. Evolução do vírus

O vírus Influenza A caracteriza-se por uma notável capacidade de evolução, resultante da sua elevada taxa de mutação, da segmentação do seu genoma e da forte pressão seletiva exercida pelos hospedeiros e pelo ambiente. Estes fatores explicam tanto a diversidade genética encontrada em aves aquáticas, os principais reservatórios naturais, como a emergência recorrente de variantes capazes de infectar novas espécies e, em alguns casos, causar pandemias em humanos (Taubenberger & Kash, 2010).

A evolução do vírus pode ocorrer por diferentes mecanismos. Um dos mais relevantes é a deriva antigénica (*antigenic drift*), caracterizada pela acumulação progressiva de mutações pontuais nos genes que codificam as glicoproteínas de superfície HA e NA (Krammer et al., 2018, 2018; Uyeki et al., 2022). Estas mutações surgem devido à ausência de mecanismos de correção de erros na RNA polimerase viral e permitem que o vírus escape parcialmente à imunidade adquirida em infeções ou vacinações anteriores. A deriva antigénica está na base das epidemias sazonais anuais de gripe e obriga à atualização regular da vacina contra a influenza (Nobusawa & Sato, 2006).

Outro processo fundamental é o salto antigénico (*antigenic shift*), que ocorre quando dois ou mais vírus de subtipos diferentes coinfetam a mesma célula hospedeira. Neste contexto, os oito segmentos do genoma podem recombinar-se, originando vírus híbridos com combinações inéditas de hemaglutinina e neuraminidase. Este fenómeno, conhecido como *reassortment*, tem particular importância em hospedeiros intermédios como os suínos, frequentemente designados “recipientes de mistura” (ou *cocktail vessels*), porque expressam recetores de ácido siálico compatíveis tanto com vírus aviários (α -2,3) como humanos (α -2,6) (Webster et al., 1992; Taubenberger & Kash, 2010). O salto antigénico está na origem de várias pandemias: em 1957, a emergência do subtipo H2N2 resultou da recombinação entre vírus aviários e humanos; em 1968, surgiu o subtipo H3N2, também de origem aviária; e em 2009, o H1N1 pandémico teve origem num complexo *reassortment* envolvendo vírus aviários, suínos e humanos (Monto & Fukuda, 2020).

A recombinação genética ainda que menos frequente no Influenza devido à natureza segmentada do seu genoma. No entanto, há evidências de que a recombinação desempenhou um papel na emergência do vírus responsável pela pandemia de 1918,

o qual adquiriu características únicas que lhe permitiram disseminar-se rapidamente e com elevada letalidade (Gibbs et al., 2001; Taubenberger & Kash, 2010).

Além da deriva e do salto antigénico, outros mecanismos contribuem para a evolução do vírus. Entre estes encontram-se as deleções e inserções em regiões específicas do genoma, que podem alterar a afinidade pelo recetor, a transmissibilidade ou a patogenicidade viral. Por exemplo, em algumas variantes de H5N1, deleções no gene da hemaglutinina foram associadas ao aumento da sua capacidade em infetar mamíferos (Kochs et al., 2007).

A evolução do vírus não é apenas determinada por fatores moleculares, mas também por pressões ecológicas. As aves aquáticas selvagens, principais reservatórios do Influenza A, permitem a circulação e manutenção de uma vasta diversidade de subtipos. Durante as suas rotas migratórias, estas aves transportam vírus por milhares de quilómetros, introduzindo novas variantes em diferentes regiões. A sobreposição de habitats com aves domésticas em explorações avícolas cria oportunidades para transmissão cruzada e para reassortments com potenciais implicações zoonóticas (Wille & Barr, 2022).

Os suínos desempenham igualmente um papel central, funcionando como hospedeiros intermédios. A sua suscetibilidade tanto a vírus humanos como aviários cria condições ideais para a emergência de novas variantes. Mercados de aves vivas, comuns em vários países asiáticos, são outro fator ecológico relevante, pois concentram múltiplas espécies num espaço reduzido, favorecendo coinfeções e eventos de *spillover* (Horimoto & Kawaoka, 2005).

Outro aspeto relevante é a influência da pressão imunitária populacional. Populações humanas com elevados níveis de imunidade contra uma estirpe obrigam o vírus a acumular mutações que permitam escapar ao reconhecimento imunitário (Krammer et al., 2018, 2018). Este processo seletivo acelera a deriva antigénica e contribui para a emergência de variantes dominantes em cada temporada de gripe (Nobusawa & Sato, 2006).

Em suma, a evolução do vírus Influenza A resulta de uma complexa interação entre fatores moleculares e ecológicos. A deriva antigénica garante a sua persistência sazonal, o salto antigénico é responsável pelas grandes pandemias, e mecanismos adicionais, como deleções, inserções e recombinação, potenciam a sua adaptação a

novos hospedeiros. Estes processos, aliados à circulação global em aves migratórias e ao papel de espécies intermédias como os suínos, explicam a imprevisibilidade e a ameaça constante que o Influenza A representa para a saúde pública. A compreensão desta dinâmica evolutiva é essencial para desenvolver estratégias de vigilância e mitigação eficazes, constituindo um dos pilares da abordagem One Health no combate às doenças zoonóticas. (Krauss et al., 2004; Krauss et al., 2016).

A ecologia e a evolução dos vírus de influenza aviária são fortemente influenciadas pela interação entre aves selvagens e domésticas, bem como por fatores ambientais e comportamentais, que moldam a adaptação viral e a dinâmica de transmissão (Verhagen, 2021).

3.As Gaivotas como Reservatórios do Vírus

As aves aquáticas selvagens são amplamente reconhecidas como os principais reservatórios naturais do vírus Influenza A, assegurando a sua manutenção e disseminação global ao longo de rotas migratórias. Entre as diversas famílias de aves envolvidas neste processo, as gaivotas (família *Laridae*) assumem um papel de crescente importância, tanto pela sua ecologia particular como pela proximidade crescente com ambientes humanos.

As gaivotas distinguem-se pela sua ampla distribuição geográfica e pela capacidade de adaptação a múltiplos ecossistemas. Presentes em zonas costeiras, estuários, portos de pesca, mas também em centros urbanos, aterros sanitários e áreas agrícolas, estas aves vivem na interface entre ambientes naturais e humanos. Este comportamento oportunista potencia contactos frequentes com pessoas, animais domésticos e aves de produção, criando condições favoráveis para a transmissão cruzada de vírus (Ineson et al., 2021).

Do ponto de vista virológico, os subtipos mais frequentemente associados a gaivotas são o H13 e o H16, considerados quase exclusivos deste grupo de hospedeiros. Estudos realizados na Europa e na América do Norte confirmam que estes subtipos se mantêm endémicos em populações de gaivotas migratórias, com prevalências particularmente elevadas em juvenis, cuja ausência de imunidade favorece a replicação viral (Lindh et al., 2017). Embora geralmente de baixa patogenicidade para humanos, estes vírus demonstram a capacidade de persistir em populações naturais, funcionando como “reservatórios especializados”.

Contudo, a relevância das gaivotas vai além dos subtipos endêmicos. Têm sido identificados nestas aves vírus de maior preocupação zoonótica, como H5 e H7, frequentemente associados a surtos de elevada patogenicidade em aves domésticas. A possibilidade de coinfeções em gaivotas levanta preocupações adicionais, pois cria condições para recombinações genéticas, capazes de gerar variantes com novas combinações de genes e, potencialmente, com maior capacidade de adaptação a mamíferos (Peacock et al., 2025).

Um exemplo paradigmático ocorreu durante os surtos de H5N1 altamente patogénico registados entre 2021 e 2023, em que foram reportados milhares de casos de mortalidade em aves selvagens, incluindo gaivotas, em várias regiões da Europa e das Américas. Além do impacto direto sobre as populações de aves, este subtipo foi detetado em mamíferos terrestres e marinhos, demonstrando uma crescente plasticidade ecológica (U.S. Department of Agriculture [USDA], 2025; Peacock et al., 2025). A participação das gaivotas na disseminação deste vírus é particularmente preocupante, dada a sua mobilidade e contacto com ambientes humanos.

Outro aspeto relevante prende-se com o comportamento social das gaivotas. Estas aves nidificam em colónias densas, onde as condições de proximidade favorecem a transmissão horizontal de agentes infecciosos. A congregação de grandes números de juvenis, particularmente vulneráveis por ausência de imunidade prévia, funciona como motor da manutenção do vírus nas populações (Ineson et al., 2021).

Para além do seu papel como reservatórios naturais, as gaivotas funcionam como sentinelas epidemiológicas, capazes de sinalizar precocemente a circulação de novas variantes em ecossistemas costeiros e urbanos. A sua monitorização constitui uma oportunidade estratégica para a deteção precoce de vírus emergentes, podendo contribuir para a prevenção de surtos em aves domésticas e para a redução do risco de transmissão a humanos. (Verhagen et al., 2021).

No entanto, o seu convívio estreito com ambientes humanos também traz desafios adicionais. A utilização de aterros sanitários e descargas de resíduos como fontes alimentares cria pontos de contacto com fontes de contaminação cruzada. Nestes ambientes, gaivotas podem atuar como veículos de disseminação de vírus entre aves selvagens, aves domésticas e humanos, tornando-se um elo entre diferentes ecossistemas.

À luz do conceito *One Health*, torna-se evidente que as gaivotas não podem ser vistas apenas como aves costeiras oportunistas, mas como atores centrais na ecologia do vírus Influenza A. A sua mobilidade, comportamento gregário e interação constante com habitats humanos colocam-nas numa posição estratégica na rede de transmissão viral. Compreender a sua importância como reservatórios é, portanto, essencial para desenvolver estratégias de vigilância integrada que articulem saúde animal, ambiental e humana.

3.1. Gaivotas em ambiente urbano: Porto, Portugal

O estudo das gaivotas como reservatórios do vírus Influenza A não se limita aos ecossistemas naturais costeiros ou às colónias migratórias. Em várias cidades portuguesas, e de forma particularmente evidente no Porto, observa-se a presença crescente de gaivotas em áreas urbanas, fenómeno que espelha a urbanização de espécies selvagens e os desafios sanitários que daí resultam.

A gaivota-de-patas-amarelas (*Larus michahellis*) instalou-se de forma estável na cidade desde o final do século XIX, ocupando telhados, praças e margens do rio Douro (AMP & CIIMAR, 2022). Estas aves adaptaram-se a um ambiente citadino em constante transformação, explorando recursos alimentares diversificados, desde restos de peixe nos mercados e zonas portuárias até resíduos urbanos em aterros sanitários. Esta proximidade com o ser humano cria condições para contactos indiretos, aumentando o risco de transmissão de agentes patogénicos.

Estudos realizados na região demonstraram que as gaivotas urbanas funcionam como vetores ambientais, transportando microrganismos de ambientes contaminados para espaços de uso humano. Um trabalho comparativo, conduzido entre 2008 e 2023 no Porto, revelou a presença de *Salmonella* spp. em fezes de gaivotas: em 2008 foi detetada em 71% das amostras e, em 2023, ainda em 17%. A análise genómica confirmou circulação bacteriana entre comunidades humanas, ambiente e aves, evidenciando a complexidade ecológica da transmissão (Rodrigues et al., 2023).

Ainda que os dados sobre Influenza A em gaivotas urbanas do Porto sejam inexistentes, a proximidade com áreas costeiras de elevada relevância epidemiológica torna a vigilância particularmente pertinente. Em 2023 e 2024, foram confirmados casos de H5N1 altamente patogénico em gaivotas costeiras no distrito de Aveiro, a

menos de 70 km do centro da cidade. Este facto reforça a possibilidade de introdução de vírus de elevada patogenicidade em populações urbanas de gaivotas, com implicações diretas para aves domésticas e para a saúde pública (Direção-Geral de Alimentação e Veterinária [DGAV], 2024).

Do ponto de vista ecológico, as gaivotas do Porto formam colónias densas, sobretudo em telhados e estruturas urbanas, onde as condições de proximidade favorecem a transmissão horizontal de agentes infecciosos. A presença de juvenis particularmente suscetíveis, potencia ainda mais a circulação viral. Para além do impacto ambiental e sanitário, estas populações urbanas de gaivotas geram também conflitos sociais, relacionados com ruído, sujidade e riscos de saúde (The Portugal News, 2019).

Assim, o caso do Porto exemplifica de forma clara a necessidade de aplicar o conceito *One Health* no estudo da influenza aviária. A coexistência entre aves selvagens adaptadas ao ambiente urbano e comunidades humanas exige medidas integradas de vigilância virológica, gestão de resíduos, educação ambiental e políticas municipais de controlo populacional. Neste contexto, as gaivotas não são apenas aves comuns da paisagem urbana, mas atores ecológicos centrais na dinâmica de circulação de microrganismos com impacto potencial na saúde pública.

4.Riscos para a saúde pública

A circulação do vírus Influenza A em aves selvagens, incluindo as gaivotas, representa um desafio crescente para a saúde pública, sobretudo no contexto da interface entre ecossistemas naturais, ambientes urbanos e sistemas de produção animal. A capacidade destas aves de atuar como reservatórios e dispersores de vírus zoonóticos coloca em evidência o risco de transmissão para populações humanas, animais domésticos e animais de produção.

Um dos principais riscos está associado à possibilidade de transmissão zoonótica direta ou indireta. Embora os subtipos H13 e H16, característicos de gaivotas, raramente tenham sido associados a infeções em humanos, a deteção de subtipos como H5N1 e H7N9 em populações destas aves levanta preocupações significativas (Lindh et al., 2017; Peacock et al., 2025). O contacto com fezes, secreções ou carcaças de aves infetadas constitui uma via potencial de transmissão, especialmente para trabalhadores de aterros, pescadores, funcionários portuários ou profissionais em explorações avícolas situadas nas proximidades de habitats de gaivotas.

A contaminação ambiental constitui um segundo risco importante. O vírus Influenza A pode permanecer viável durante longos períodos em águas superficiais, sedimentos e ambientes húmidos, favorecendo a exposição de humanos e animais através de fontes indiretas (Huang, 2014). No caso de cidades como o Porto, onde gaivotas frequentam aterros sanitários, margens do Douro e zonas urbanas densamente povoadas, o potencial de dispersão ambiental é considerável, ainda que pouco estudado.

Adicionalmente, deve considerar-se o risco de transmissão para aves domésticas, em particular galinhas, patos e perus criados em regime extensivo ou em proximidade de zonas costeiras. A introdução de vírus de elevada patogenicidade em explorações comerciais pode resultar em surtos devastadores, com elevada mortalidade animal e sérios impactos económicos para o setor avícola (U.S. Department of Agriculture [USDA], 2025). O papel das gaivotas como ponte entre ambientes selvagens e domésticos reforça a necessidade de monitorização sistemática.

Nos últimos anos, o subtipo H5N1 altamente patogénico tem sido responsável por episódios sem precedentes de disseminação mundial. Para além de aves domésticas e selvagens, foram reportadas infeções em várias espécies de mamíferos, incluindo

raposas, leões-marinhos e lontras, em diferentes países da Europa e das Américas (Peacock et al., 2025). Estes episódios levantam sérias preocupações quanto à capacidade do vírus se adaptar a hospedeiros mamíferos, potencialmente aumentando o risco de transmissão sustentada entre humanos.

A dimensão ocupacional do risco também merece destaque. Profissionais que trabalham em setores como a gestão de resíduos, portos de pesca, turismo costeiro e produção avícola podem ter maior probabilidade de contacto com gaivotas e os seus dejetos. Nestes grupos, a utilização de medidas de biossegurança, como equipamentos de proteção individual e protocolos de higiene, torna-se fundamental.

No contexto da saúde pública, a resposta a estes riscos deve assentar numa perspetiva *One Health*, reconhecendo a interdependência entre saúde humana, animal e ambiental. Medidas prioritárias incluem:

- Programas de vigilância virológica em populações de gaivotas urbanas e costeiras;
- Reforço das medidas de biossegurança em explorações avícolas próximas a habitats destas aves;
- Campanhas de sensibilização junto de comunidades costeiras e trabalhadores de setores de risco;
- Cooperação internacional, dado o carácter migratório e transfronteiriço das populações de gaivotas.

Em suma, o papel das gaivotas como potenciais reservatórios e vetores do vírus Influenza A transcende a esfera da ecologia das aves, tornando-se um problema de saúde pública com implicações locais e globais. A monitorização contínua destas populações e a integração da sua análise nos programas de vigilância epidemiológica são passos fundamentais para reduzir o risco de emergência e disseminação de novas variantes com potencial pandémico.

5. Importância da Vigilância Epidemiológica

A vigilância epidemiológica do vírus Influenza A em aves selvagens, incluindo as gaivotas, constitui um elemento essencial para a prevenção de surtos em aves domésticas e para a proteção da saúde pública (FAO ,2022). Pela sua elevada capacidade de adaptação e rápida evolução, o Influenza A representa uma ameaça permanente, sendo necessário detetar precocemente novas variantes e compreender os seus padrões de circulação.

Um dos aspetos centrais desta vigilância prende-se com a deteção precoce de subtipos de elevada patogenicidade, como o H5N1 e o H7N9, que têm causado surtos graves em aves e infeções zoonóticas ocasionais em humanos. A monitorização de aves selvagens funciona como um sistema de alerta precoce, permitindo antecipar a introdução de vírus em populações domésticas e reduzir o impacto económico e sanitário de eventuais surtos.

Em populações de gaivotas, a vigilância é particularmente relevante por diversas razões. Estas aves apresentam distribuição global, hábitos migratórios de longa distância e uma grande plasticidade ecológica, circulando entre ambientes naturais, urbanos e agrícolas. Ao frequentarem aterros, portos de pesca, mercados e explorações avícolas, as gaivotas constituem potenciais “pontes epidemiológicas” entre diferentes ecossistemas. Assim, o seu estudo contribui não só para a caracterização da diversidade viral, mas também para a identificação de cenários de risco.

A vigilância epidemiológica deve basear-se numa abordagem integrada, envolvendo:

- Monitorização virológica sistemática, com recolha de amostras fecais, cloacais e ambientais em colónias de gaivotas e em áreas urbanas;
- Análise molecular e genómica, recorrendo a técnicas como RT-PCR e sequenciação de nova geração, para identificar subtipos circulantes e potenciais recombinações;
- Integração de dados ecológicos, como rotas migratórias, densidade populacional e sazonalidade, que influenciam a dinâmica do vírus;
- Cooperação interinstitucional, envolvendo autoridades de saúde pública, serviços veterinários, universidades e centros de investigação.

No contexto europeu, e particularmente em Portugal, a vigilância do Influenza Aviário tem sido reforçada em resposta à emergência de surtos de H5N1 em aves selvagens e domésticas nos últimos anos. A Direção-Geral de Alimentação e Veterinária (DGAV) tem emitido regularmente comunicados e implementado medidas de biossegurança adicionais em explorações avícolas, nomeadamente nas regiões costeiras mais afetadas pela circulação de aves migratórias.

A nível global, organizações como a Organização Mundial de Saúde Animal (WOAH), a Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura (FAO) e a Organização Mundial da Saúde (OMS) têm salientado a importância da partilha de dados epidemiológicos e virológicos entre países. Esta cooperação internacional é fundamental para acompanhar a evolução do vírus, detetar precocemente novas variantes e coordenar estratégias de resposta.

A vigilância epidemiológica deve também articular-se com programas de educação e sensibilização pública, de modo a informar comunidades locais e grupos profissionais de risco acerca dos perigos do contacto com aves selvagens e da importância de medidas preventivas. O envolvimento da população é uma ferramenta essencial para reduzir riscos de exposição e garantir a eficácia das estratégias de saúde pública.

Em síntese, a vigilância epidemiológica do vírus Influenza A em gaivotas e outras aves selvagens deve ser entendida como um investimento prioritário em saúde pública, com implicações diretas na proteção das populações humanas, na sustentabilidade da avicultura e na preservação do equilíbrio ecológico. Esta abordagem só será eficaz se for conduzida numa perspetiva *One Health*, que integre saúde animal, saúde humana e saúde ambiental numa única estratégia de prevenção global.

6. Metodologia

Esta é uma revisão integrativa que pretende recolher e sintetizar a partir de investigações já publicadas, conclusões gerais sobre este tema em específico e explicar a sua importância. Trata-se de um estudo de revisão bibliográfica e narrativa da literatura, com critérios de seleção para os artigos necessários na elaboração deste trabalho e com o objetivo de compilar informação sobre a deteção do vírus influenza em gaivotas.

A pesquisa bibliográfica foi realizada entre 2005 e 2025, utilizando bases de dados científicas de acesso internacional, nomeadamente PubMed, ScienceDirect e Google Scholar. Foram usadas combinações de palavras-chave tais como “*Influenza A virus*”, “*avian influenza*”, “*gulls*”, “*Laridae*”, “*wild birds*”, “*surveillance*” e “*prevalence*”. Os operadores “*And*” e “*Or*” da pesquisa avançada foram utilizados também para facilitar a pesquisa.

Após a pesquisa e triagem inicial, foram identificados cerca de 39 artigos científicos relacionados com a deteção do vírus Influenza A. Deste total, 18 artigos cumpriram integralmente os critérios de inclusão e foram selecionados para análise detalhada e sistematização dos resultados.

Os restantes artigos foram excluídos da análise quantitativa por não se enquadrarem nos critérios estabelecidos, contudo alguns foram utilizados ao longo do texto como referências complementares, contribuindo para o enquadramento teórico, histórico e epidemiológico do tema.

Títulos, resumos e palavras-chave dos artigos foram selecionados com base em critérios de inclusão e exclusão inseridos na tabela 1.

Table1.Critérios de inclusão e exclusão

Inclusão	Exclusão
Descreve ou discute os métodos e a sua eficácia/eficiência de uma ou mais técnicas para identificar em amostras ambientais	Descreve ou discute métodos para recolha de amostras exclusivamente em instalações de pecuária ou aves domesticadas
Bases de dados incluíam Pubmed, Sciene Direct e Google Scholar	Estudos que relacionavam as aves aquáticas selvagens com bactérias
Descreve ou discute métodos para recolha de amostras ambientais	Estudos experimentais sobre gripe aviária em outras espécies de animais que não incluíam aves aquáticas
Texto livre e completo	
Deveria incluir o vírus da influenza	
Título e resumo em inglês	
Deveria incluir aves selvagens e o seu habitat	
Pesquisa de 2005 a 2024	

7. Resultados

Foram analisados dados extraídos de 18 artigos científicos publicados entre 2005 e 2024, os quais investigaram a presença do vírus influenza em populações de gaivotas (família *Laridae*). Os estudos na incluíram diferentes metodologias, regiões geográficas e espécies de gaivotas, totalizando mais de 10.000 amostras avaliadas. No quadro 2 apresentam-se os principais resultados dos vários documentos analisados.

Table2.Resultados dos estudos

Artigos	Ano	Localização	Espécies de Gaivotas	Subtipos de Vírus Identificados	Métodos laboratoriais
Avian Influenza Virus Surveillance in Wild Birds in Georgia (Lewis et al., 2013)	2009-2011	Georgia (EUA)	3 (Gaivotas-de-cabeça-preta, Mediterranes e de-patas-amarelas)	H11N1, H13N6, H13N8, H9N1 e H9N3; H9N3: H13N2 e H13N6	RT-PCR
Epidemiology of Influenza A Virus among Black-headed Gulls (Verhagen et al., 2014)	2006-2010	Holanda	Gaivotas-de-cabeça-preta	H1, H5, H7, H11, H13 e H16, N1, N3 e N9	PCR e ELISA
Poultry Infection with Influenza Viruses of Wild Bird Origin (Yu, Cheng, & Gao, 2018)	2016	Weihai (China)	Gaivotas-de-cauda-preta	6 isolados H13N2 e 60 isolados H13N8	RT-PCR
Novel H16N3 avian influenza viruses	2023	Shandong (China)	Alcatraz-comum	H16N3	PCR

isolated from migratory gulls in China (Peng et al., 2025)					
Surveillance for avian influenza vírus in wild birds in Poland. (Świętoń et al., 2017)	2008-2015	Polonia	Gaivotas-de-cabeça-preta	H6, H11 e H13	RT-PCR
Location, Age, and Antibodies Predict Avian Influenza Virus Shedding in Ring-Billed and Franklin's Gulls in Minnesota (Michalska-Smith, Clements, Rasmussen, Culhane, & Craft, 2024)	2016-2017	Minesotta (EUA)	Gaivotas-de-Franklin) e Gaivotas-de-bico-riscado	Os autores investigaram como a localização, a idade e a presença de anticorpos influenciam a infecção por IAV, comparando a detecção de RNA viral (infecção ativa) com a detecção de anticorpos.	PCR e ELISA
Spatial, Temporal, and Species Variation in Prevalence of Influenza A Viruses in Wild Migratory Birds. (Munster <i>et al.</i> , 2007)	2007	Holanda e na Suécia (90%), outras partes do Norte da Europa (5%), 5,5% das amostras foram recolhidas noutras partes do mundo como	11 espécies de gaivotas (pertencentes à família Laridae)	H6N8 (10%), H13N6 (10%), H13N8 (40%) e H16N3 (40%)	RT-PCR

		Ásia, África e América			
Avian Influenza Virus Surveillance in South-Central Spain Using Fecal Samples of Aquatic Birds Foraging at Landfills (Bárbara et al., 2017)	2014-2015	Espanha	Gaivota-de-cabeça-preta; Gaivota-de-asa-escura; Gaivota-de-patas-amarelas	H11N3; H11N9; H16N3	RT-PCR
Virological and serological surveillance for type A influenza in the black-legged kittiwake. (Toennessen et al., 2011)	2008 e 2009	Noruega	Gaivota-tridáctila	H13N6 e H16N3	RT-PCR, Ensaio de Hemaglutinação
Genetic subtyping and phylogenetic analysis of HA and NA from avian influenza virus in wild birds from Peru (Castro-Sanguinetti et al., 2022)	2019-2020	Peru	Gaivota-de-franklin); Gaivota-cinzenta; Gaivota-de-belcher; Gaivota-de-cabeça-cinzenta	H6N2 e H13N6 isoladas na gaivota-de-franklin e H2N6 isolada da gaivota-cinzenta	A detecção inicial foi feita por ensaio de hemaglutinação, seguida por um teste rápido de imunocromatografia e confirmada por PCR

Avian Influenza in Great Britain and Europe: An Outbreak Assessment (Department for Environment, Food & Rural Affairs, 2025)	2024	Reino Unido e Europa (Bélgica, França, Alemanha, Portugal e Espanha)	Gaivota-negra; Gaivota-argentea; Gaivota-de-patas-amarelas; Gaivota-de-audouin; Gaivota-d'asa-preta	H5N1 ou H5N5	PCR
Molecular and epidemiological characterization of avian influenza viruses from gulls and dabbling ducks in Norway. (Tønnessen et al., 2013)	2005-2010	Noruega	Gaivota-prateada europeia, Gaivota-comum, Gaivota-de-cabeça-preta, Gaivota-de-asa-escura, Gaivota-tridáctila)	H16N3; H6N8; H13N2, estes vírus foram todos isolados da gaivota comum	RT-PCR
Evidence of avian influenza virus in seabirds breeding on a Norwegian high-Arctic archipelago (Lee et al., 2020)	2014-2017	Svalbard (Noruega)	Gaivota-tridáctila e a Gaivota-hiperbórea	O estudo não isolou o vírus. Em vez disso, o foco foi na detecção da presença de anticorpos contra o AIV nas amostras recolhidas	ELISA
Avian Influenza Viruses in Wild Birds: Virus Evolution in a Multihost Ecosystem (Venkatesh et al., 2018)	2010-20216	Georgia (EUA)	Gaivotas-de-patas-amarelas e gaivotas-arménias (YAG) Gaivotas-de-cabeça-preta e gaivotas-mediterrânicas (BMG)	Entre 2010 e 2012, foram encontrados até sete subtipos diferentes de HA por ano em gaivotas, incluindo H1, H2, H3, H4, H6, H10, H11, H13 e H16. Em 2011 e 2012, o H13 foi encontrado na maior proporção de amostras sequenciadas em gaivotas e foi o único subtipo de HA sequenciado em	RT-PCR

				2013 e em 2015 a prevalência foi quase zero.	
Lack of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 in the South Shetland Islands in Antarctica (Muñoz et al., 2024)	2023	Ilhas Shetland do Sul, Antártida	Gaivotas-dominicanas (<i>kelp gulls, Larus dominicanus</i>)	Todas as amostras recolhidas, incluindo as das gaivotas-dominicanas, testaram negativo para o vírus da Influenza A	RT-PCR
Avian influenza viruses in wild birds in Canada following incursions of highly pathogenic H5N1 virus (Giacinti et al., 2024)	2021-2022	Canada	Gaivota-preta (<i>Larus marinus</i>), Gaivota-prateada (<i>Larus argentatus</i>), Gaivota-tridáctila (<i>Rissa tridactyla</i>), Gaivota-de-bico-riscado (<i>Larus delawarensis</i>)	H5N1 Eurasiático e H4N6 Norte-Americano	RT-PCR
Ecological Divergence Drives Avian Influenza Spillover and Global Spread. (Hill et al., 2022)	2008-2018	América do Norte (Córdova, sul do Alasca e costa Atlântica, em Massachusetts)	Cordova, sul do Alasca (entre 2009 e 2018): Foram capturadas Gaivotas-de-asa-glauca (<i>Larus glaucescens</i>); Costa Atlântica, em Massachusetts (entre 2012 e 2014): Foram capturadas Gaivotas-prateadas (<i>Larus smithsonianus</i>), Gaivotas-de-bico-anelado (<i>L. delawarensis</i>) e Gaivotas-de-	H13 e H16, Influenza Aviária de Alta Patogenicidade (HPAI) H5	RT-PCR

			dorso-preto-maior (<i>L. marinus</i>)		
Avian Influenza: An Overview and Clinical Status (Kiley & Yun, 2025)	2024	Europa (Reino Unido, Noruega, Islândia, Bélgica, Dinamarca) e Canada	Gaivota-prateada; Gaivota-de-patas-amarelas; Gaivota-grande-de-dorso-preto; Gaivota-de-cabeça-preta; Gaivota-comum; Gaivota-de-Pallas; Gaivota-cinzenta	Com base nas informações fornecidas, os subtipos de vírus da gripe aviária detetados em gaivotas são principalmente A(H5N1) e A(H5N5)	PCR

7.1. Distribuição geográfica dos estudos

Os estudos analisados nesta revisão foram conduzidos em diversas regiões do mundo, refletindo a ampla distribuição das gaivotas e a crescente preocupação com a vigilância do vírus influenza em aves selvagens. A maior parte das investigações ocorreu na Europa, em países como Noruega, Holanda, Polónia, Espanha, Reino Unido e França — regiões com tradição consolidada em investigação ecológica e sanitária, especialmente em zonas costeiras onde as populações de gaivotas são mais densas e facilmente monitorizadas.

Na América do Norte, os Estados Unidos e o Canadá também se destacam, com estudos em áreas como Minnesota, Massachusetts e o sul do Alasca, onde há elevada concentração de aves migratórias. Estas regiões representam pontos estratégicos para a deteção precoce de vírus circulantes entre espécies selvagens e domésticas.

A Ásia foi representada por estudos desenvolvidos na China, principalmente nas províncias costeiras de Shandong e Weihai. Nessas áreas, a proximidade entre habitats naturais e sistemas de criação avícola intensiva cria um ambiente de elevado risco para a recombinação viral.

Em menor número, destacam-se estudos realizados no Peru — o único localizado na América do Sul — e na Antártida, onde a vigilância se concentrou em aves marinhas como as gaivotas-dominicanas. A inclusão dessas regiões mostra o interesse crescente por uma abordagem mais ampla e integrada da vigilância viral.

Apesar dessa diversidade geográfica, é notória a sub-representação de algumas áreas do globo, como o continente africano e partes significativas da América Latina e Ásia tropical. Essas lacunas tornam-se especialmente preocupantes quando se considera que muitas dessas regiões se encontram ao longo de rotas migratórias internacionais, funcionando como zonas de passagem ou repouso para aves marinhas e costeiras.

Assim, torna-se evidente a necessidade de expandir os esforços de vigilância epidemiológica para regiões menos estudadas, promovendo uma cobertura geográfica mais equitativa e eficaz. A integração de dados provenientes de diferentes zonas do planeta é fundamental para uma resposta mais coordenada e proativa diante das ameaças virais com potencial pandémico (Wille & Barr, 2022).

7.2. Caracterização geral e técnicas de amostragem dos vários estudos

A maioria das investigações foi conduzida em ambientes onde as gaivotas interagem com atividades humanas, como aterros, portos, zonas húmidas e áreas costeiras. Foram avaliadas mais de 13.000 amostras biológicas, incluindo fezes, zaragatoas cloacais e orofaríngeas, bem como, nalguns casos, amostras de sangue.

Os métodos laboratoriais mais utilizados foram RT-PCR em tempo real, PCR convencional, ensaios sorológicos (ELISA) e testes de hemaglutinação para caracterização antigénica.

A diversidade metodológica entre os estudos pode influenciar a comparabilidade direta dos resultados de prevalência, uma vez que sensibilidade e especificidade variam entre protocolos. Ainda assim, os dados combinados fornecem evidências robustas da circulação persistente do vírus influenza em populações de gaivotas.

As espécies de gaivotas mais frequentemente investigadas incluem *Chroicocephalus ridibundus* (gaivota-de-cabeça-preta), *Leucophaeus pipixcan* (gaivota-de-Franklin), *Rissa tridactyla* (gaivota-tridáctila), entre outras. Alguns estudos incluíram várias espécies simultaneamente.

7.3. Deteção do vírus influenza e diversidade antigénica

A análise dos estudos incluídos nesta revisão confirmou a presença consistente do vírus Influenza A em populações de gaivotas, reforçando o papel destas aves como reservatórios naturais. Entre os subtipos identificados, destacam-se o H13N6, H16N3, H11N3, H6N2 e H13N8, sendo os H13 e H16 os mais frequentes representados na figura 3, e amplamente distribuídos em diferentes regiões do mundo.

A recorrência destes dois subtipos nas populações de gaivotas sugere uma adaptação evolutiva específica a este grupo de hospedeiros. Estudos realizados na Europa, América do Norte e Ásia apontam para a sua circulação endémica, com prevalências mais elevadas em aves juvenis — grupo particularmente suscetível devido à ausência de imunidade adquirida — o que reforça o papel das gaivotas na manutenção e disseminação do vírus em ecossistemas costeiros e urbanos.

Apesar de a maioria dos vírus detetados ser de baixa patogenicidade (LPAIV), foram também identificados, embora de forma esporádica, subtipos de maior preocupação zoonótica, como o H5N1 e o H7N9, especialmente em zonas onde ocorre sobreposição entre aves selvagens e aves domésticas. Estes casos alertam para o risco de recombinação genética, que pode originar novas variantes com potencial impacto em saúde animal e humana.

A diversidade antigénica observada nos estudos analisados evidencia uma coexistência complexa de subtipos em diferentes contextos ecológicos, resultado de fatores como as rotas migratórias, a densidade populacional e as metodologias laboratoriais utilizadas. Ainda assim, a predominância de H13 e H16 é um padrão consistente e bem documentado, sustentando a ideia de que as gaivotas funcionam como reservatórios especializados do vírus Influenza A.

Do ponto de vista da saúde pública e veterinária, estes resultados são particularmente relevantes. Embora os subtipos detetados apresentem, em geral, baixa patogenicidade, o papel das gaivotas como fontes de diversidade genética do vírus é indiscutível. Assim, a monitorização regular destas populações — especialmente para os subtipos H13 e H16 — deve ser considerada uma ferramenta estratégica de vigilância epidemiológica, essencial para a deteção precoce de novas variantes e para a prevenção de surtos com potencial zoonótico.

Distribuição dos subtipos de vírus Influenza A detetados em gaivotas

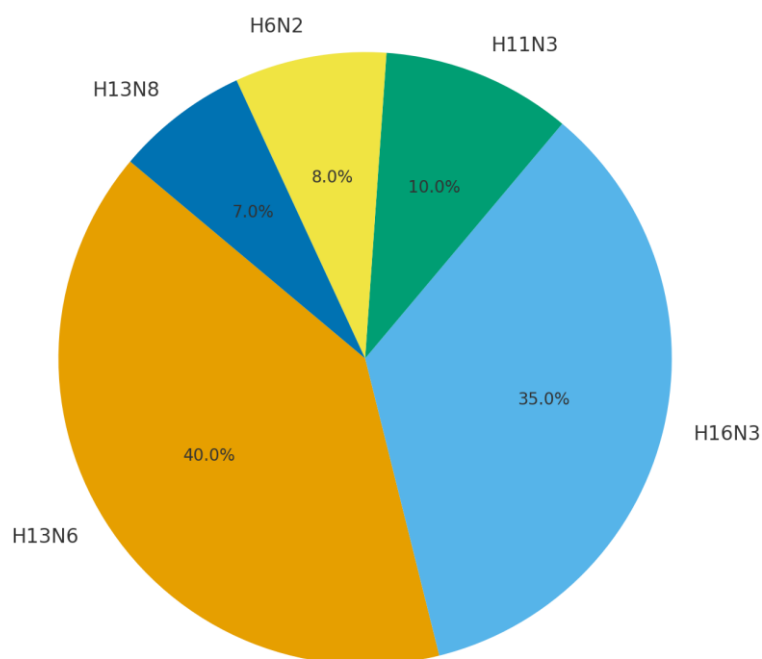


Figure3.Distribuição dos subtipos de vírus Influenza A detetados em gaivotas.

A análise da literatura científica publicada entre 2005 e 2025 revelou a deteção de diferentes subtipos de vírus Influenza A em populações de gaivotas, com destaque para a predominância de H13N6 e H16N3, considerados específicos deste grupo de aves aquáticas. Foram ainda registados subtipos menos frequentes, como H11N3, H6N2 e H13N8, demonstrando a diversidade genética associada a estas espécies e o seu papel como reservatórios naturais do vírus.

8. Discussão

A presente revisão bibliográfica confirma que as gaivotas desempenham um papel central na ecologia do vírus Influenza A, atuando como reservatórios de subtipos endêmicos (H13 e H16) e, ocasionalmente, como dispersores de variantes de maior preocupação zoonótica, como H5N1 e H7N9. Estes achados são consistentes com estudos internacionais que identificam as aves aquáticas como principais hospedeiros naturais do Influenza A (Webster et al., 1992; Wille & Barr, 2022).

Um dos aspetos mais relevantes observados é a predominância de H13 e H16 em populações de gaivotas, sobretudo juvenis. Este padrão reforça a ideia de que estas aves funcionam como “reservatórios especializados” para determinados subtipos, assegurando a manutenção viral ao longo do tempo. Contudo, a ocorrência esporádica de outros subtipos de maior patogenicidade, como H5, demonstra a capacidade das gaivotas de integrar-se em cadeias epidemiológicas mais amplas, aumentando a sua relevância para a saúde pública.

A variação geográfica e sazonal dos resultados evidencia o impacto de fatores ecológicos e ambientais. Na Europa setentrional, a elevada prevalência de H13 e H16 reflete a importância das colónias costeiras, enquanto em regiões urbanizadas, como o Porto, o contacto das gaivotas com resíduos urbanos e ambientes antropizados sugere um risco diferenciado de exposição e transmissão. Estas diferenças apontam para a necessidade de vigilância adaptada à realidade ecológica de cada região.

Outro ponto a considerar é a diversidade metodológica dos estudos incluídos. A utilização de diferentes técnicas de deteção, como RT-PCR, isolamento viral e serologia, contribui para a variabilidade das taxas de positividade reportadas. Estudos baseados apenas em sorologia podem detetar infeções passadas, enquanto métodos moleculares permitem identificar infeções ativas, o que pode limitar e condicionar a correta interpretação dos resultados. Esta limitação metodológica destaca a importância de padronizar protocolos de vigilância, de modo a permitir comparações mais robustas entre regiões e períodos temporais.

As implicações para a saúde pública são particularmente significativas. Ainda que os subtipos endêmicos em gaivotas (H13 e H16) não apresentem risco elevado para humanos, a deteção ocasional de subtipos altamente patogénicos

nestas aves levanta preocupações. O H5N1, em particular, foi responsável por surtos massivos entre 2021 e 2023, com mortalidade em aves selvagens e transmissão a mamíferos (Peacock et al., 2025). A capacidade das gaivotas de se deslocarem entre habitats naturais, urbanos e agrícolas aumenta o potencial de dispersão do vírus, configurando um risco para explorações avícolas e para populações humanas em contacto frequente com estas aves.

No contexto português, embora a literatura científica seja ainda limitada, a deteção de H5N1 em gaivotas costeiras no distrito de Aveiro (DGAV, 2024) evidencia que este risco não é meramente teórico, mas uma realidade concreta. Este facto reforça a importância da implementação de programas nacionais de vigilância direcionados para populações urbanas e costeiras de gaivotas, que até ao momento têm sido subvalorizadas em comparação com outras aves aquáticas.

Esta revisão também evidencia lacunas importantes de conhecimento. A escassez de estudos na América do Sul, África e regiões tropicais da Ásia limita a compreensão global da ecologia do Influenza A em gaivotas. Além disso, poucos trabalhos abordam a interface urbano-ecológica, ou seja, a dinâmica viral em gaivotas adaptadas a ambientes urbanos, como se observa no Porto. Estes são pontos cruciais que devem ser explorados em futuras investigações.

Em termos de saúde pública, os resultados aqui discutidos convergem com o conceito *One Health*, sublinhando que a vigilância do Influenza A em gaivotas deve ser integrada numa estratégia que articule saúde humana, animal e ambiental. A cooperação entre serviços veterinários, autoridades de saúde pública e investigadores é indispensável para prevenir a emergência de surtos com potencial pandémico.

9. Conclusão

O presente trabalho de revisão bibliográfica permitiu reunir e analisar a literatura científica existente sobre o papel das gaivotas como reservatórios do vírus Influenza A e os riscos associados à sua circulação para a saúde pública.

Os resultados analisados demonstram de forma consistente que as gaivotas são reservatórios especializados dos subtipos H13 e H16, assegurando a manutenção viral em populações naturais, sobretudo em juvenis. Estes subtipos, apesar de apresentarem reduzida relevância zoonótica, constituem um elemento central para a compreensão da ecologia do vírus.

Contudo, a ocorrência esporádica de subtipos de elevada patogenicidade, como H5N1 e H7N9, em populações de gaivotas evidencia que estas aves também podem desempenhar um papel como disseminadoras ocasionais de variantes com impacto epidemiológico significativo. Esta dualidade reforça a necessidade de não subestimar o contributo das gaivotas na dinâmica global do Influenza A.

As implicações para a saúde pública são claras. A proximidade crescente das gaivotas a ambientes urbanos, como no caso da cidade do Porto, cria oportunidades de contacto indireto com seres humanos e animais domésticos. Aliado à sua mobilidade e comportamento oportunista, este facto coloca as gaivotas como vetores potenciais na interface entre ecossistemas selvagens e humanos.

A análise revelou ainda lacunas de conhecimento relevantes: a escassez de estudos em regiões tropicais (América do Sul, África), a falta de investigação específica em contextos urbanos e a ausência de padronização metodológica entre estudos dificultam a compreensão global do fenómeno. Estas lacunas constituem oportunidades futuras de investigação, essenciais para antecipar riscos e melhorar a vigilância epidemiológica.

Neste sentido, importa salientar que perspetivas futuras de investigação e ação devem incidir no alargamento da vigilância geográfica a regiões ainda pouco estudadas, no aprofundamento do estudo das populações urbanas de gaivotas e na padronização dos métodos de deteção e caracterização viral, de modo a permitir comparações consistentes entre diferentes áreas e períodos. Do mesmo modo, a integração de abordagens interdisciplinares no âmbito do conceito *One Health*, combinando ecologia, virologia, epidemiologia e ciências sociais, será essencial para compreender de forma mais ampla a interface entre aves

selvagens, humanos e ambiente. Acresce ainda a necessidade de reforçar a cooperação internacional, assegurando a partilha de dados e experiências entre países, bem como a articulação com políticas públicas municipais e nacionais, particularmente em cidades costeiras, onde as gaivotas convivem diariamente com populações humanas.

Em conclusão, este trabalho reforça que as gaivotas, para além do seu papel ecológico como aves costeiras adaptadas a ambientes urbanos, devem ser consideradas atores centrais na ecologia e epidemiologia do vírus Influenza A. A sua monitorização contínua é indispensável para reduzir riscos, proteger a saúde pública e garantir uma resposta coordenada perante eventuais emergências pandémicas futuras.

10. Bibliografia

Avery-Gomm, S., et al. (2024). *Wild bird mass mortalities in eastern Canada associated with the Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 outbreak*. *Ecosphere*, 15(4), e4979.

<https://esajournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ecs2.4980>

AMP, & CIIMAR. (2022). *Plano de ação para o controlo da população de gaivotas nos municípios costeiros da Área Metropolitana do Porto: Relatório final*. Área Metropolitana do Porto. <https://www.amp.pt/item/estudo-or-plano-de-acao-para-o-controlo-da-populacao-de-gaivotas-nos-municipios-costeiros-da-area-metropolitana-do-porto/>

Bárbara, A., Torrontegi, O., Camacho, M. C., Barral, M., Hernández, J. M., & Höfle, U. (2017). *Avian influenza virus surveillance in south-central Spain using fecal samples of aquatic birds foraging at landfills*. *Frontiers in Veterinary Science*, 4, 178. <https://doi.org/10.3389/fvets.2017.00178>

Castro-Sanguinetti, G. R., Marques Simas, P. V., Apaza-Chiara, A. P., Callupe-Leyva, J. A., Rondon-Espinoza, J. A., Gavidia, C. M., More-Bayona, J. A., González Veliz, R. I., Vakharia, V. N., & Icochea, M. E. (2022). *Genetic subtyping and phylogenetic analysis of HA and NA from avian influenza virus in wild birds from Peru reveals unique features among circulating strains in America*. *PLOS ONE*, 17(6), e0268957. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0268957>

Centers for Disease Control and Prevention. (2025). *How flu spreads*. U.S. Department of Health and Human Services. <https://www.cdc.gov/flu/about/disease/spread.htm>

Chauhan, R. P., & Gordon, M. L. (2022). *An overview of influenza A virus genes, protein functions, and replication cycle highlighting important updates*. *Virus Genes*, 58(4), 255–269. <https://doi.org/10.1007/s11262-022-01904-w>

Direção-Geral de Alimentação e Veterinária. (2024). *Influenza aviária de alta patogenicidade H5N1 - Comunicado oficial*. DGAV. <https://www.dgav.pt/destaques/noticias/deteccao-de-casos-de-infecao-por-virus-da-gripe-aviaria-de-alta-patogenicidade-h5n1-aves-selvagens/>

Department for Environment, Food & Rural Affairs. (2025, 21 de julho). *High pathogenicity avian influenza (HPAI) in Great Britain and Europe: Outbreak*

Assessment #9. GOV.UK. <https://www.gov.uk/government/publications/avian-influenza-bird-flu-in-europe>

Dou, D., Revol, R., Östbye, H., Wang, H., & Daniels, R. (2018). *Influenza A virus cell entry, replication, virion assembly and movement*. *Frontiers in Immunology*, 9, 1581. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2018.01581>

Eisfeld, A. J., Neumann, G., & Kawaoka, Y. (2015). *At the centre: Influenza A virus ribonucleoproteins*. *Nature Reviews Microbiology*, 13(1), 28–41. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3367>

Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2022). *H5 highly pathogenic avian influenza: Key facts*. FAO. <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/147ffde8-0520-43af-929e-00c1575b368f/content>

Gibbs, M. J., Armstrong, J. S., & Gibbs, A. J. (2001). *Recombination in the hemagglutinin gene of the 1918 “Spanish flu”*. *Science*, 293(5536), 1842–1845. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11546876/>

Giacinti, J. A., et al. (2024). *Avian influenza viruses in wild birds in Canada following incursions of highly pathogenic H5N1 virus from Eurasia in 2021-2022*. *mBio*, 15, e03203-23. <https://doi.org/10.1128/mbio.03203-23>

Hill, N. J., Bishop, M. A., Trovão, N. S., Ineson, K. M., Schaefer, A. L., Puryear, W. B., Zhou, K., Foss, A. D., Clark, D. E., MacKenzie, K. G., Gass, J. D., Borkenhagen, L. K., Hall, J. S., & Runstadler, J. A. (2022). *Ecological divergence of wild birds drives avian influenza spillover and global spread*. *PLOS Pathogens*, 18(5), Article e1010062. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1010062>

Horimoto, T., & Kawaoka, Y. (2005). *Influenza: Lessons from past pandemics, warnings from current incidents*. *Nature Reviews Microbiology*, 3(8), 591–600. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1208>

Huang, Y. (2014). *Prevalence, transmission and evolution of avian influenza* (Tese de doutoramento). Memorial University of Newfoundland. <https://research.library.mun.ca/6459/>

Hause, B. M., Ducatez, M., Collin, E. A., Ran, Z., Liu, R., Sheng, Z., ... & Anderson, G. A. (2013). *Isolation of a novel swine influenza virus from Oklahoma in 2011 which is distantly related to human influenza C viruses*. *PLoS Pathogens*, 9(2), e1003176. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1003176>

Hutchinson, E. C., Charles, P. D., Hester, S. S., Thomas, B., Trudgian, D. C., Martínez-Alonso, M., & Fodor, E. (2014). *Conserved and host-specific features of influenza virion architecture*. *Nature Communications*, 5, 4816. <https://doi.org/10.1038/ncomms5816>

Ineson, K. M., Hill, N. J., Clark, D. E., MacKenzie, K. G., Whitney, J. J., Laskaris, Y., Ronconi, R. A., Ellis, J. C., Giroux, J.-F., Lair, S., Stevens, S., Puryear, W. B., & Runstadler, J. A. (2021). *Age and season predict influenza A virus dynamics in urban gulls: Consequences for natural hosts in unnatural landscapes*. *Ecological Applications*, 31(8), e02497. <https://doi.org/10.1002/eap.2497>

Kiley, J. L., & Yun, H. C. (2025). *Avian Influenza: An Overview and Clinical Status*. *Current Infectious Disease Reports*, 27(1). <https://doi.org/10.1007/s11908-024-00850-y>

Kuiken, T., Fouchier, R., Rimmelzwaan, G., van Riel, D., van Amerongen, G., Baas, C., ... Osterhaus, A. (2018). *High mortality of wild birds following H5N8 avian influenza outbreak in the Netherlands, 2016–2017*. https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC5708256/?utm_source=chatgpt.com

Kochs, G., García-Sastre, A., & Martinez-Sobrido, L. (2007). *Multiple anti-interferon actions of the influenza A virus NS1 protein*. *Journal of Virology*, 81(13), 7011–7021. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17442719/>

Krammer, F., Smith, G. J. D., Fouchier, R. A. M., Peiris, M., Kedzierska, K., Doherty, P. C., ... García-Sastre, A. (2018). *Influenza*. *Nature Reviews Disease Primers*, 4(1), 3. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29955068/>

Krauss, S., Walker, D., Pryor, S. P., Niles, L., Chenghong, L., Hinshaw, V. S., & Webster, R. G. (2004). *Influenza A viruses of migrating wild aquatic birds in North America*. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 4(3), 177–189. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15631061/>

Krauss, S., Stallknecht, D. E., Slemons, R. D., Bowman, A. S., Poulson, R. L., Nolting, J. M., Knowles, J. P., Spackman, E., & Webster, R. G. (2016). *The enigma of the apparent disappearance of Eurasian highly pathogenic H5 clade 2.3.4.4 influenza A viruses in North American waterfowl. Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(32), 9033–9038. <https://doi.org/10.1073/pnas.1608853113>

Lindh, E., Madslien, K., Hjortaas, M. J., Solhaug, A., & Järhult, J. D. (2017). Characterization of H13 and H16 influenza A viruses in gulls (*Larus* spp.) in northern Europe. *Journal of Wildlife Diseases*, 53(3), 543–554. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28384060/>

Lewis, N. S., Javakhishvili, Z., Russell, C. A., Machabishvili, A., Lexmond, P., Verhagen, J. H., Vuong, O., Onashvili, T., Donduashvili, M., Smith, D. J., & Fouchier, R. A. M. (2013). *Avian influenza virus surveillance in wild birds in Georgia: 2009–2011. PLoS One*, 8(3), e58534. <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0058534>

Lee, M. M., Jaspers, V. L. B., Gabrielsen, G. W., Jenssen, B. M., Ciesielski, T. M., Mortensen, Å.-K., Lundgren, S. S., & Waugh, C. A. (2020). *Evidence of avian influenza virus in seabirds breeding on a Norwegian high-Arctic archipelago. BMC Veterinary Research*, 16(1), 48. <https://doi.org/10.1186/s12917-020-2265-2>

Liu, R., Sheng, Z., Huang, C., Wang, D., & Li, F. (2020). *Influenza D virus. Current Opinion in Virology*, 44, 154–161. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2020.08.004>

Matsuzaki, Y., Katsushima, N., Nagai, Y., Shoji, M., Itagaki, T., Sakamoto, M., ... & Mizuta, K. (2006). *Clinical features of influenza C virus infection in children. Journal of Infectious Diseases*, 193(9), 1229–1235. <https://doi.org/10.1086/502973>

Muñoz, G., Berazay, B., Bennett-Lazo, B., Ariyama, N., Neira, V., & co-autores. (2024). *Lack of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 in the South Shetland Islands in Antarctica early 2023. Animals*, 14(7), 1008. <https://doi.org/10.3390/ani14071008>

Munster VJ, Baas C, Lexmond P, Waldenstrom J, Wallensten A, et al. (2007) *Spatial, temporal, and species variation in prevalence of influenza A viruses in wild migratory birds*. *PLoS Pathog* 3(5): e61. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.0030061>

Michalska-Smith, M., Clements, E., Rasmussen, E., Culhane, M. R., & Craft, M. E. (2024). *Location, age, and antibodies predict avian influenza virus shedding in Ring-Billed and Franklin's Gulls in Minnesota*. *Animals*, 14(19), 2781. <https://doi.org/10.3390/ani14192781>

Monto, A. S., & Fukuda, K. (2020). Lessons from influenza pandemics of the 20th century. *Clinical Infectious Diseases*, 70(5), 951–957. <https://doi.org/10.1093/cid/ciz1112>

Mehle, A., & Doudna, J. A. (2009). *Adaptive strategies of the influenza virus polymerase for replication in humans*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(50), 21312–21316. <https://doi.org/10.1073/pnas.0911915106>

Nobusawa, E., & Sato, K. (2006). *Comparison of the mutation rates of human influenza A and B viruses*. *Journal of Virology*, 80(7), 3675–3678. <https://doi.org/10.1128/JVI.80.7.3675-3678.2006>

Nogueira, T., & Ponce, R. (2019). *Vírus da gripe: Desafios do sistema imunitário e da medicina à luz da evolução*. Chiado Books. ISBN 978-989-20-9829-6. <https://apbe.weebly.com/iniciativas.html>

Osterhaus, A. D. M. E., Rimmelzwaan, G. F., Martina, B. E. E., Bestebroer, T. M., & Fouchier, R. A. M. (2000). *Influenza B virus in seals*. *Science*, 288(5468), 1051–1053. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10807575/>

Peng, P., Shen, J., Shi, W., Guo, J., Wang, M., Li, W., Yue, Z., Sun, X., Guan, M., Liu, L., Xu, H., Xie, Y., Ren, A., Liu, M., Liu, W., Zhang, Z., Xiao, Z., & Li, X. (2025). *Novel H16N3 avian influenza viruses isolated from migratory gulls in China in 2023*. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1543338. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1543338>

Peacock, T. P., Moncla, L., Dudas, G., VanInsberghe, D., Sukhova, K., Lloyd-Smith, J. O., Worobey, M., Lowen, A. C., & Nelson, M. I. (2025). *The global H5N1 influenza panzootic in mammals*. *Nature*, 637(8045), 304–313. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-08054-z>

Rodrigues, I. C., et al. (2023). *Gulls in Porto Coastline as Reservoirs for Salmonella spp.: Findings from 2008 and 2023*. *Microorganisms*, 12(1), 59. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12010059>

Świętoń, E., Wyrostek, K., Jóźwiak, M., Olszewska-Tomczyk, M., Domańska-Blicharz, K., Meissner, W., Włodarczyk, R., Minias, P., Janiszewski, T., Minta, Z., & Śmietanka, K. (2017). Surveillance for avian influenza virus in wild birds in Poland, 2008-15. *Journal of Wildlife Diseases*, 53(2), 330-338. <https://doi.org/10.7589/2016-07-154>

Taubenberger, J. K., & Kash, J. C. (2010). *Influenza virus evolution, host adaptation, and pandemic formation*. *Cell Host & Microbe*, 7(6), 440–451. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2010.05.009>

Tønnessen, R., Germundsson, A., Jonassen, C. M., Haugen, I., Berg, K., Barrett, R. T., & Rimstad, E. (2011). *Virological and serological surveillance for type A influenza in the black-legged kittiwake (Rissa tridactyla)*. *Virology Journal*, 8, 21. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-8-21>

Tønnessen, R., Kristoffersen, A. B., Jonassen, C. M., Hjortaas, M. J., Hansen, E. F., Rimstad, E., & Hauge, A. G. (2013). *Molecular and epidemiological characterization of avian influenza viruses from gulls and dabbling ducks in Norway*. *Virology Journal*, 10, 112. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-10-112>

The Guardian. (2025, February 16). Monday briefing: *What you need to know about the underreported bird flu crisis*. *The Guardian*. <https://www.theguardian.com/world/2025/feb/16/monday-briefing-whether-it-becomes-a-pandemic-or-not-the-bird-flu-crisis-warrants-attention>

The Sun. (2025, January 16). *‘Do not touch’ – Health alert issued over seagulls & other wild sea birds as pet owners urged to ‘keep dogs on lead’*. *The Sun*. <https://www.thesun.ie/health/15462355/hse-ireland-bird-flu-wild-sea-birds-virus/>

The Portugal News. (2018, August 9). *Seagulls are 'public health problem', warns specialist.* *The Portugal News* <https://www.theportugalnews.com/news/seagulls-are-public-health-problem-warns-specialist/46473>

Uyeki, T. M., Peiris, J. S. M., Katz, J. M., et al. (2022). *Influenza*. *The Lancet*, 400(10360), 693–706. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(22\)00982-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(22)00982-5)

U.S. Department of Agriculture (USDA). (2025). *Detections of Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) in Wild Birds*. U.S. Department of Agriculture, Animal and Plant Health Inspection Service (APHIS). Retrieved from <https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/wild-birds>

Verhagen, J. H., Herfst, S., & Fouchier, R. A. M. (2021). *Highly pathogenic avian influenza viruses at the wild-domestic bird interface in Europe: Future directions for research and surveillance*. *Viruses*, 13(2), 212.

<https://doi.org/10.3390/v13020212>

Venkatesh, D., Poen, M. J., Bestebroer, T. M., Scheuer, R. D., Vuong, O., Chkhaidze, M., Machabishvili, A., Mamuchadze, J., Ninua, L., Fedorova, N. B., Halpin, R. A., Lin, X., Ransier, A., Stockwell, T. B., Wentworth, D. E., Kriti, D., Dutta, J., van Bakel, H., Puranik, A., Slomka, M. J., Essen, S., Brown, I. H., Fouchier, R. A. M., & Lewis, N. S. (2018). *Avian influenza viruses in wild birds: Virus evolution in a multihost ecosystem*. *Journal of Virology*, 92(15), e00433-18. <https://doi.org/10.1128/JVI.00433-18>

Verhagen, J. H., Majoor, F., Lexmond, P., Vuong, O., Kasemir, G., Lutterop, D., Osterhaus, A. D., Fouchier, R. A., & Kuiken, T. (2014). *Epidemiology of influenza A virus among black-headed gulls, the Netherlands, 2006–2010*. *Emerging Infectious Diseases*, 20(1), 138–141. <https://doi.org/10.3201/eid2001.130984>

Verhagen, J. H. (2021). *Ecology of avian viruses*. In J. C. S. Long & C. J. Kreuder Johnson (Eds.), *Studies in Viral Ecology* (Vol. 2, pp. 325–348). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781119608370.ch14>

Webster, R. G., Bean, W. J., Gorman, O. T., Chambers, T. M., & Kawaoka, Y. (1992). *Evolution and ecology of influenza A viruses*. *Microbiological Reviews*, 56(1), 152–179. <https://doi.org/10.1128/membr.56.1.152-179.1992>

World Health Organization. (2025). *Influenza (seasonal)*. WHO. [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(seasonal\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal))

Wille, M., & Barr, I. G. (2022). *Resurgence of avian influenza virus*. *Science*, 376(6592), 459–460. <https://doi.org/10.1126/science.abo1232>

World Organisation for Animal Health. (s.d). *High pathogenicity avian influenza (HPAI)*. World Organisation for Animal Health. Retrieved October 2025, from <https://www.woah.org/en/disease/avian-influenza/>

Yu, Z., Cheng, K., & Gao, Y. (2018). Poultry infection with influenza viruses of wild bird origin, China, 2016. *Emerging Infectious Diseases*, 24(7), 1375–1377. <https://doi.org/10.3201/eid2407.171220>