

DOI: 10.55505/SA.2024.2.13
UDC: 619:578.832.1



VIRUSUL ÎNALT PATOGEN AL GRIPEI AVIARE ÎN EUROPA – TENDINȚE ȘI RISCURI DE RĂSPÂNDIRE GEOGRAFICĂ

Oxana GROZA*, ORCID: 0009-0008-6632-3538,
Nicolae STARCIUC, ORCID: 0000-0001-5176-8499

Universitatea Tehnică a Moldovei, Republica Moldova

*Correspondență: Oxana Groza – e-mail: oxana.groza@doctorat.utm.md

Abstract. Avian influenza, is a highly contagious viral disease which over the last decades has provoked increased interest in scientific research and veterinary surveillance. Avian influenza viruses that affect birds fall into two distinct categories: highly pathogenic avian influenza (HPAI) and low pathogenic avian influenza (LPAI) viruses. At present, only viruses of subtypes H5 and H7 have been shown to cause HPAI infections. In recent years, outbreaks of HPAI have occurred in poultry in Europe, caused by the H5N1 HPAI virus, which has spread to poultry and wildlife, encompassing Asia, Europe and Africa. The study presents an analysis of the epidemiology, ecology and evolution of the avian influenza virus in the context of poultry-wildlife interactions and conclusions based on the associated risk assessment in Europe.

Keywords: *Poultry; Avian influenzavirus; Subtypes; Epidemics; Disease outbreaks.*

Rezumat. Influența aviară este o boală virală, foarte contagioasă, care pe parcursul ultimilor decenii a condus la un interes sporit în domeniul de cercetare științifică și supraveghere sanitar-veterinară. Virusurile gripei aviare care afectează păsările se clasifică în două categorii distincte: virusurile influenței aviare înalt patogene (HPAI) și cele slab patogene (LPAI). S-a stabilit că, doar virusurile din subtipurile H5 și H7 produc infecții înalt patogene HPAI. În ultimii ani, în Europa la păsările de curte s-au înregistrat focare provocate de virusul H5N1, care s-a răspândit la păsările de curte și cele din fauna sălbatică, cuprinzând Asia, Europa și Africa. În studiul prezentat, se conține o analiză al aspectelor epidemiologice, ecologice și evoluția virusului gripei aviare, în contextul interacțiunii dintre păsările de curte și cele sălbatice, precum și concluzii bazate pe evaluarea riscurilor asociate în Europa.

Cuvinte-cheie: *Păsări de curte; Virus al gripei aviare; Subtipuri; Epidemie; Focar de boală.*

INTRODUCERE

Virusul gripei aviare are o structură complexă, care conține opt segmente de ARN, în care se codifică zece proteine supuse unui risc crescut de mutație, dependente la replicare de ARN polimeraza. Mutațiile pot apărea și prin recombinarea celulelor simultan infectate cu două combinații virale, care fiind plasate într-o nucleocapsidă în celula infectată, fac schimb de segmente de ARN, dând posibilitatea la formarea de noi viruși (Alexander, 2000). Virușii influenței aviare de tipul A se caracterizează prin antigenele nucleoproteice și proteina matrix, manifestând o patogenitate înaltă și având capacitatea de a infecta concomitent o gamă largă de gazde, inclusiv oameni și păsări (Swayne, et al. 2003). Subtipizarea virusului gripei aviare se realizează pe baza caracteristicilor

glicoproteinelor hemaglutinină (HA) și neuraminidază (NA), situate pe suprafața externă a învelișului viral. Până în prezent, au fost identificate 16 subtipururi de HA și 9 subtipururi de NA (Swayne et al., 2003; Fouchier et al., 2005).

Pentru prima dată, virusul gripal H5N1 a fost izolat în 1996 dintr-un efectiv de găște bolnave din provincia Guangdong din China, răspândindu-se ulterior în Asia, Europa și Africa (A/Goose/Guangdong/1/96) (Xu et al., 1999).

Primul caz de boală cu o rată ridicată de mortalitate la păsările sălbatice cauzat de subtipul H5 a fost raportat în 2005, pe lacul Qinghai din China (subtipul 2.2, Chen et al., 2005). Câteva luni mai târziu, noi focare au fost înregistrate la păsări sălbatice și domestice în Asia, Siberia, Orientul Mijlociu, Europa și Africa. În același an, primul focar cu virusul H5 în Europa a fost identificat, marcând începutul epidemiei pe continent.

În 2009, o nouă variantă HPAI H5 GsGd a provocat o mortalitate ridicată la păsările sălbatice de pe lacul Qinghai, fiind asociată cu subtipul 2.3.2, urmată de focare la păsările domestice și sălbatice în Asia, reprezentând predecesorii virusurilor HPAI H5, subtipul 2.3.2.1c, identificate în Europa de Est în perioada 2010-2015.

În 2014, o nouă variantă a subtipului H5 GsGd (subtipul 2.3.4.4) a provocat multiple focare la păsările sălbatice din Asia de Sud-Est, Siberia, Orientul Mijlociu, Europa, Africa și America de Nord (Cui et al., 2020).

Transmiterea virusurilor HPAI H5 GsGd de la păsările domestice la cele sălbatice, precum și răspândirea acestora în Asia, Orientul Mijlociu, Africa, Europa și America de Nord, au confirmat rolul păsărilor sălbatice în răspândirea geografică a acestor virusuri (Lycett et al., 2016; Pohlmann et al., 2016). Acest aspect a stat la baza inițierii și dezvoltării unor programe internaționale de monitorizare a virusului gripei aviare, având ca obiectiv detectarea precoce a noilor virusuri HPAI H5 în diferite regiuni geografice și identificarea rolului păsărilor sălbatice în transmiterea acestora.

MATERIALE ȘI METODE

Materialul și rezultatele prezentate în articol se bazează pe studiul și analiza publicațiilor diferiților autori la nivel mondial, axate pe cercetări epidemiologice, clinice și investigații de laborator realizate de cercetători din diverse țări europene, fundamentate pe date provenite din investigații virusologice, serologice și moleculare, utilizate pentru confirmarea diagnosticului de gripă aviară, precum și pe statistici privind incidența focarelor de boală la păsările domestice și sălbatice, atât la nivel global, cât și pe teritoriul Uniunii Europene.

Rezultatele selectate din literatura științifică au fost sistematizate evolutiv, în funcție de răspândirea serotipurilor înalt patogene ale virusului gripei aviare, de la primele focare înregistrate până în anul 2024.

REZULTATE ȘI DISCUȚII

Începând cu anul 2013, virusurile HPAI H5 din subtipul 2.3.4.4, care includ diverse subtipururi de neuraminidază (H5N1, H5N6, H5N8 etc.), au fost depistate în Asia de Sud-Est. În noiembrie 2014, virusul HPAI H5N8, aparținând subtipului 2.3.4.4a, a fost identificat atât la păsările sălbatice, cât și la cele domestice din Europa. Primele cazuri au fost raportate la o fermă de curcani din nord-estul Germaniei (Harder et al., 2015), la fermele de păsări din Olanda (Bouwstra et al., 2015) și Marea Britanie (Seekings et al., 2015). Virusuri cu o structură antigenică similară au fost identificate și la rațe sălbatice aparent sănătoase, precum (*Anas crecca*) în Germania (Harder et al., 2015) și (*Mareca penelope*) în Olanda (Verhagen et al., 2015).

Ulterior, virusul din subtipul 2.3.4.4a a fost izolat la o fermă de curcani din Italia în decembrie 2014, la rațele domestice din Ungaria în februarie 2015 (WOAH, 2024) și la lebede mute în Suedia în perioada februarie - martie 2015 (Globig et al., 2016). Începând cu luna martie 2015, s-a înregistrat o reducere semnificativă a incidenței virusurilor din acest subtip pe continentul european.

La sfârșitul lunii octombrie 2016, virusurile HPAI H5 din subtipul 2.3.4.4b au fost identificate la păsările domestice din Ungaria, iar ulterior și la rațele cu creastă (*Aythya fuligula*) în Germania, precum și în alte țări, fiind confirmate în total în cel puțin 31 de țări europene (WOAH, 2024).

După identificarea virusului H5N8 din subtipul 2.3.4.4b în perioada 2016-2017, s-a constatat un fenomen extensiv de recombinare cu virusurile LPAI la păsările domestice și sălbatice, ceea ce a condus la apariția virusurilor HPAI H5N5 în mai multe țări europene (WOAH, 2024).

Începând cu luna decembrie 2017, virusul HPAI subtipul 2.3.4.4b H5N6 a fost identificat în Europa, la o fermă de rațe din Olanda și la păsările sălbatice, inclusiv la lebădă (Beerens et al., 2018) și lopătarul comun (*Aythya ferina*) în Germania (King et al., 2020). Focarele inițiale, situate în nord-vestul Europei, s-au extins ulterior în cel puțin 11 țări europene. Rezultatele privind răspândirea focarelor de gripă aviară în țările europene sunt prezentate în tabelul 1.

Tabelul 1. Incidența focarelor de gripa aviară cu patogenitate înaltă H5 GsGd în perioada anilor 2005–2021

Varianta	2.2						2.3.2.1				2.3.4.4									
	2.2.1		2.2.2		2.2		2.3.2.1c		2.3.2.1c		2.3.4.4a		2.3.4.4b		2.3.4.4b		2.3.4.4b		2.3.4.4b	
Perioada	2005-2006		2005-2006		2006-2009		2010		2015		2014-2015		2016-2019		2017-2019		2019-2020		2020-2021	
Tipurile identificate	H5N1		H5N1		H5N1		H5N1		H5N1		H5N8		H5N5 H5N6 H5N8		H5N6		H5N8		H5N1 H5N3 H5N4 H5N5 H5N8	
Tipul gazdei	S	C	S	C	S	C	S	C	S	C	S	C	S	C	S	C	S	C	S	C
Țară																				
Albania																				
Andorra																				
Armenia																				
Austria																				
Azerbaijan																				
Belarus																				
Belgia																				
Bosnia																				
Herțegovina																				
Bulgaria																				
Croația																				
Cipru																				
Cehia																				
Danemarca																				
Estonia																				
Finlanda																				
Fransa																				
Georgia																				
Germania																				
Grecia																				
Ungaria																				
Islanda																				
Irlanda																				

axat pe speciile gazdă ale virusului HPAI H5 sau pe grupurile de specii receptive la virusul gripal (rață fluierătoare, rață moțată, alte palmipede, pescăruși) a relevat că, în perioadele cu densitate crescută a stârchilor cenușii sau altor palmipede în jurul fermelor de păsări infectate cu virusul HPAI H5 din Olanda (de exemplu, noiembrie-februarie), a coincis cu apariția virusului HPAI H5N8 la păsări, în mod preponderent în sezonul rece al anului 2016 (Velkers et al., 2016; Venkatesh et al., 2020).

În fermele comerciale, introducerea virusului prin material contaminat de la păsările sălbatice, echipamente și utilaje comune, precum și lipsa filtrelor sanitare, a fost cea mai probabilă cauză a apariției virusului HPAI H5N8 în Germania în 2014 (Ssematimba et al., 2013, Hauck et al., 2017). De asemenea, s-a demonstrat că sursa de apă subterană joacă un rol important în transmiterea virusului gripei aviare între păsările de curte și cele sălbatice, aspect confirmat în timpul apariției unor noi focare de boală cu virusul HPAI H5 în vestul SUA (Borchardt et al. 2017).

În Federația Rusă, eliminarea cadavrelor de păsări contaminate în mediul înconjurător a dus la infectarea cu virusul HPAI H5 atât a păsărilor sălbatice, cât și a celor din fermele avicole (Volkov et al. 2018).

Unele specii de păsări, precum vrabia de casă, graurul eurasiatic și alte specii sălbatice, au fost menționate ca vectori naturali ai virusului gripei aviare (Elbers et al., 2020). Prezența rozătoarelor în apropierea fermelor de păsări ar putea contribui la transmiterea virusurilor HPAI la păsări, iar răspândirea prin aer sau vânt ar putea influența dispersia virusurilor HPAI H5 pe distanțe scurte (Guinat, C. et al. 2018).

Supravegherea activă și reducerea consecințelor infecției cu virusul gripei aviare

În Europa, efectivele de păsări de curte sunt monitorizate constant pentru detectarea anticorpilor specifici sau a virusului gripei aviare (European Commission, 2024). În plus, utilizarea ouălor în diagnosticul gripei aviare, în locul serului, s-a dovedit a fi o alternativă eficientă și mai ușor de aplicat pentru detectarea timpurie a anticorpilor specifici LPAI, comparativ cu metodele tradiționale bazate pe ser (Gonzales et al., 2021). Totuși, pentru identificarea timpurie a noilor virusuri HPAI H5, supravegherea pasivă trebuie completată cu supravegherea activă.

În prezent, la nivel global, sunt dezvoltate și recomandate diverse măsuri pentru reducerea riscului de introducere a virusurilor înalt patogene ale gripei aviare în fermele avicole (Shriner et al., 2016). Aceste măsuri se bazează parțial pe dovezi care atestă eficiența strategiilor de biosecuritate implementate. Măsurile bazate pe date concrete includ reducerea procentuală a riscului, un factor care poate influența motivația fermierilor de a le adopta (Delpont et al., 2021).

Fiecare regiune a lumii are caracteristici de producție distincte, ceea ce impune necesitatea unor strategii specifice de reducere a riscului, adaptate la particularitățile locale, dar în același timp, este recomandat, ca noile ferme de păsări să nu fie amplasate în apropierea altor ferme sau în apropierea habitatelor păsărilor acvatice sălbatice. Fermele de păsări deja existente ar trebui să exploreze modalități de a face mediul din jurul fermei mai puțin atractiv pentru păsările acvatice (Bestman et al., 2017).

Biosecuritatea efectivelor de păsări domestice ar trebui să fie integrată cu supravegherea activă a păsărilor sălbatice, având ca scop detectarea virusului la speciile-țintă, în situri prioritare de-a lungul căilor de migrație, până la perioada lor de reproducere inițială.

Programele de monitorizare a păsărilor sălbatice și domestice trebuie să includă identificarea speciilor-gazdă de păsări sălbatice și integrarea aspectelor legate de ecologia aviară, pentru a îmbunătăți detectarea timpurie și supravegherea noilor virusuri HPAI H5. Aceste programe de monitorizare pe termen lung servesc pentru a înțelege

mai bine ecologia și dinamica prevalenței și diversității virusurilor, contribuind astfel la anticiparea incursiunilor virale în timp și spațiu. De asemenea, ele pot fi extinse pentru a include alți patogeni emergenți asociați cu păsările sălbatice.

Atâta timp cât practicile agricole actuale rămân neschimbate, există probabilitate să apară noi virusuri, precum HPAI H5, care s-ar putea răspândi rapid, reprezentând un risc pentru sănătatea animalelor și a oamenilor la nivel global. În cele din urmă, cel mai eficient mod de a aborda provocarea globală One Health în contextul gripei aviare este gestionarea riguroasă a bolilor aviare și sprijinirea unei producții alimentare sigure și sustenabile, ceea ce ar reduce atât amenințarea pentru fauna sălbatică, cât și riscul zoonotic pentru oameni pe termen lung.

Înțelegerea ecologiei și evoluției gripei aviare la păsările sălbatice este un element fundamental al unui viitor cadru global pentru abordarea One Health, care ar trebui să integreze măsuri bazate pe dovezi științifice în domeniile securității alimentare, sănătății animale și dezvoltării socio-economice, contribuind astfel la prevenirea și controlul bolilor infecțioase emergente.

CONCLUZII

1. Incursiunile repetate ale virusului HPAI H5 GsGd în Europa, în perioada 2005-2021, evidențiază diversitatea genetică semnificativă a acestuia, demonstrând un potențial ridicat de a provoca boli severe atât în efectivele de păsări domestice, cât și în cele sălbatice. Dezvoltarea intensivă a industriei avicole la nivel global, alături de circulația continuă a virusurilor HPAI H5 la păsările migratoare, constituie un risc constant pentru apariția unor noi combinații înalt patogene ale virusului gripal.
2. Pentru detectarea rapidă a noilor tulpini de virus gripal înalt patogene H5 pe teritoriul statelor europene, sistemul actual de supraveghere pe termen lung include atât supravegherea pasivă, cât și cea activă a populațiilor de păsări domestice și sălbatice. Această măsură reprezintă principalul instrument de detectare a virusului la speciile-țintă, începând cu căile de migrație a păsărilor sălbatice și continuând până la perioada lor inițială de reproducere.
3. Pentru o monitorizare mai eficientă a virusurilor gripale înalt patogene H5, programele de supraveghere a păsărilor sălbatice și domestice trebuie să includă identificarea speciilor-gazdă din rândul păsărilor sălbatice, facilitând astfel detectarea timpurie și monitorizarea noilor combinații antigenice ale virusului gripal. De asemenea, aceste programe trebuie să contribuie la o înțelegere mai profundă a prevalenței virusurilor gripale în timp și spațiu, inclusiv prin îmbunătățirea strategiilor de supraveghere a diferitelor combinații virale.

REFERINȚE BIBLIOGRAFICE

1. ALEXANDER, D. J. (2000). A review of avian influenza in different bird species. *Veterinary Microbiology*, vol. 74 (1/2), pp. 3-13. ISSN 1873-2542. DOI 10.1016/s0378-1135(00)00160-7.
2. BEERENS, N.; G. KOCH; R. HEUTINK; F. HARDERS; D. E. VRIES et al. (2018). Novel Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N6) Virus in the Netherlands, December 2017. *Emerging infectious diseases*, vol. 24, pp.770-773. ISSN 1080-6059. DOI 10.3201/eid2404.172124.
3. BESTMAN, M.; W. de JONG; J.-P. WAGENAAR & T. WEERTS. (2017). Presence of avian influenza risk birds in and around poultry free-range areas in relation to range vegetation and openness of surrounding landscape. *Agroforestry System*, vol. 92 (2). DOI 10.1007/s10457-017-0117-2.
4. BORCHARDT, M. A.; S. K. SPENCER; L. E. HUBBARD; A. D. FIRNSTAHL; J. P. STOKDYK et al. (2017). Avian influenza virus RNA in groundwater wells supplying poultry farms affected by the 2015 influenza outbreak. *Environmental Science & Technology Letters*, vol. 4 (7), pp. 268-272. Disponibil: <https://doi.org/10.1021/acs.estlett.7b00128>

5. CHEN, H.; G. J. SMITH; S. Y. ZHANG; K. QIN; J. WANG et al. (2005). Avian flu: H5N1 virus outbreak in migratory waterfowl. *Nature*, vol. 436, pp. 191-192. ISSN 1476-4687. DOI 10.1038/nature03974.
6. CUI, Y.; Y. LI; M. LI; L. ZHAO; D. WANG et al. (2020). Evolution and extensive reassortment of H5 influenza viruses isolated from wild birds in China over the past decade. *Emerging microbes and infections*, vol. 9, pp. 1793-1803. ISSN 2222-1751. DOI 10.1080/22221751.2020.1797542.
7. DELANY, S.; J. VEEN & J. CLARK (eds.). (2006). *Urgent Preliminary Assessment of Ornithological Data Relevant to the Spread of Avian Influenza in Europe*. Report to the European Commission, May 2006. EU-DG Environment, Brussels. 346 p.
8. DELPONT, M.; M. RACICOT; A. DURIVAGE; L. FORNILI; J.-L. GUERIN et al. (2021). Determinants of biosecurity practices in French duck farms after a H5N8 Highly Pathogenic Avian Influenza epidemic: The effect of farmer knowledge, attitudes and personality traits. *Transboundary and emerging diseases*, vol. 68(1), pp. 51-61. DOI 10.1111/tbed.13462.
9. ELBERS, A. R. W. & J. L. GONZALES (2020). Quantification of visits of wild fauna to a commercial free-range layer farm in the Netherlands located in an avian influenza hot-spot area assessed by video-camera monitoring. *Transboundary and emerging diseases*, vol. 67, pp. 661-677. DOI 10.1111/tbed.13382.
10. FOUCHIER, R. A. M.; V. MUNSTER; A. WALLENSTEN; T. M. BESTEBROER; S. HERFST et al. (2005). Characterization of a novel influenza A virus hemagglutinin subtype (H16) obtained from black-headed gulls. *Journal of Virology*, vol. 79 (5), pp. 2814-2822. DOI 10.1128/JVI.79.5.2814-2822.2005.
11. GLOBIG, A.; E. STARICK; T. HOMEIER; A. POHLMANN; C. GRUND et al. (2016). Epidemiological and Molecular Analysis of an Outbreak of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 clade 2.3.4.4 in a German Zoo: Effective Disease Control with Minimal Culling. *Transboundary and emerging diseases*, vol. 64, pp. 1813-1824. Disponibil: <https://doi.org/10.1111/tbed.12570>
12. GONZALES, J. L.; S. PRITZ-VERSCHUREN; R. BOUWSTRA; J. WIEGEL; A. R. W. ELBERS (2021). Seasonal risk of low pathogenic avian influenza virus introductions into free-range layer farms in the Netherlands. *Transboundary and emerging diseases*, vol. 68(1), pp. 127-136. DOI 10.1111/tbed.13649.
13. GUAN, Y.; J. S. M. PEIRIS; A. S. LIPATOV; T. M. ELLIS; K. C. DYRTING et al. (2002). Emergence of multiple genotypes of H5N1 avian influenza viruses in Hong Kong SAR. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, vol. 99(13), pp. 8950-8955. DOI 10.1073/pnas.132268999.
14. GUINAT, C.; N. ROUCHY; F. CAMY; J. L. GUÉRIN & M. PAUL (2018). Exploring the Wind-Borne Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 During the 2016-2017 Epizootic in France. *Avian diseases*, vol. 63 (sp.1), pp. 246-248. DOI 10.1637/11881-042718-ResNote.1.
15. SEEKINGS, A. H.; J. BANKS; D. A. MARSTON; R. J. ELLIS; S. M. BROOKES et al. (2015). Genetic Characterization of Highly Pathogenic Avian Influenza (H5N8) Virus from Domestic Ducks, England, November 2014. *Emerging infectious diseases*, vol. 21, pp. 879-882. DOI 10.3201/eid2105.141954.
16. HARDER, T.; S. MAURER-STROH; A. POHLMANN; E. STARICK; D. HÖRETH-BÖNTGEN et al. (2015). Influenza A(H5N8) Virus Similar to Strain in Korea Causing Highly Pathogenic Avian Influenza in Germany. *Emerging infectious diseases*, vol. 21(5), pp. 860-863. DOI 10.3201/eid2105.141897.
17. KING, J.; C. SCHULZE; A. ENGELHARDT; A. HLINAK; S.-L. LENNEMANN et al. (2020). Novel HPAIV H5N8 Reassortant (Clade 2.3.4.4b) Detected in Germany. *Viruses*, vol. 12 (3), p. 281. DOI 10.3390/v12030281.
18. LYCETT, S.; R. BODEWES; A. POHLMANN; J. BANK; K. BANYAI et al. (2016). Role for migratory wild birds in the global spread of avian influenza H5N8. *Science* 2016, vol. 354 (6309), pp. 213-217. DOI 10.1126/science.aaf8852.
19. SSEMATIMBA, A.; T. HAGENAARS; J. DE WIT; F. RUITERKAMP; T. FABRI et al. (2013). Avian influenza transmission risks: Analysis of biosecurity measures and contact structure in Dutch poultry farming. *Preventive veterinary medicine*, vol. 109, pp. 106-115. DOI 10.1016/j.prevetmed.2012.09.001.
20. VENKATESH, D.; A. BROUWER; G. GOUGOULOVA; R. ELLIS; J. SEEKINGS et al. (2020). Regional Transmission and Reassortment of 2.3.4.4b Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) Viruses in Bulgarian Poultry 2017/18. *Viruses*, vol. 12, no. 6, p. 605. DOI 10.3390/v12060605.
21. VERHAGEN, J.; H. VAN DER JEUGD; B. A. NOLET; R. SLATERUS; S. KHARITONOV et al. (2015). Wild bird surveillance around outbreaks of highly pathogenic avian influenza A(H5N8) virus in the Netherlands, 2014, within the context of global flyways. *Euro surveillance*, vol. 20, no. 13. DOI 10.2807/1560-7917.es2015.20.12.21069. PMID: 25846491.
22. VOLKOV, M. S.; V. N. IRZA & A. V. VARKENTIN (2018). History of highly pathogenic avian influenza eradication in Russian federation in 2016–2017. *Veterinary Science Today*, vol. 1, pp. 3-10. Disponibil: <https://doi.org/10.29326/2304-196X-2018-1-24-3-7>

23. WALDENSTRÖM, J.; T. KUIKEN & M. WILLE (2017). Narrative Overview on Wild Bird Migration in the Context of Highly Pathogenic Avian Influenza Incursion into the European Union. *EFSA Supporting Publications*, vol. 14 (10). Disponibil: <https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2903/sp.efsa.2017.EN-1283>

Conflict of interests

The authors declare that they have no conflict of interests.

Authors' contributions

This work was carried out in collaboration among all authors. All authors read and approved the final manuscript.

Paper history

Received 15.10.2024; Accepted 22.11.2024

Copyright: © 2024 by the author(s). This is an open access article distributed under the Creative Commons Attribution License (CC BY 4.0).