

Influenza aviar H5N1: una epidemia sin precedentes

ELISA PÉREZ-RAMÍREZ E IRENE IGLESIAS

Centro de Investigación en Sanidad Animal (CISA-INIA), CSIC, Valdeolmos, Madrid.

La influenza o gripe aviar es una de las enfermedades más devastadoras en sanidad animal y supone una amenaza constante para la industria avícola y para la fauna silvestre. La actual epidemia no tiene precedentes, ha afectado a millones de aves en todo el mundo y también se ha extendido a mamíferos. Esta situación plantea nuevos desafíos en el control de la enfermedad, no sólo por las dificultades para prevenir y controlar el avance de la enfermedad en las aves sino también por el riesgo potencial en otros sectores incluida la salud pública. Para poder hacer frente a este gran reto sanitario es imprescindible aplicar la estrategia One Health, promoviendo una colaboración fluida y estable entre los profesionales de sanidad animal, salud humana y medioambiente.

Introducción

Aunque generalmente hablamos del virus influenza, en realidad deberíamos hacerlo en plural porque no nos referimos a un único virus, sino que son muchos virus (de distintos géneros y subtipos), que comparten algunas características pero que son muy variables en cuanto a patogenicidad, rango de hospedadores, potencial zoonótico, etc.

Existen cuatro géneros de influenza (A, B, C y D), pero son los virus pertenecientes al género A los que más importancia tienen tanto para la salud humana como para sanidad animal. Todos los virus de influenza A derivan ancestralmente de virus de aves.

Los virus de influenza aviar (VIA) pertenecen a la familia *Orthomyxoviridae*

y se clasifican dentro del género influenza virus tipo A. En su superficie exhiben dos tipos de glicoproteínas, la hemaglutinina (HA) y la neuraminidasa (NA), que desempeñan un papel fundamental tanto en la adhesión y entrada en la célula del hospedador como en la liberación de las partículas virales. Además, contienen los sitios principales de reconocimiento antigénico por parte del sistema inmunitario del hospedador.

Existen 18 subtipos de HA y 11 de NA aunque los subtipos H17, H18, N10 y N11 son exclusivos de murciélagos. En aves silvestres se han identificado 16 subtipos de HA (H1-H16) y 9 de NA (N1-N9), pudiendo encontrarse en cualquier combinación. Los subtipos de los VIA se denominan HXNY siendo X

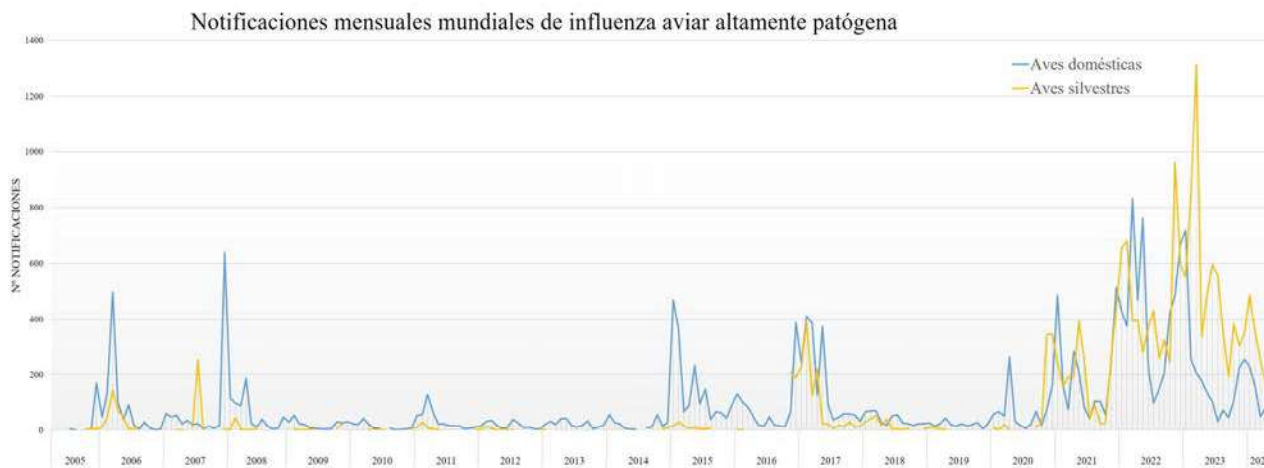


Figura 1. Notificaciones anuales de influenza aviar altamente patógena en todo el mundo desde 2005 hasta mayo de 2024.

el subtipo de HA e Y el subtipo de NA. Dentro de cada subtipo existe una considerable diversidad genética, antigénica y fenotípica, por lo que cepas pertenecientes a un mismo subtipo pueden diferir notablemente en patogenicidad, rango de hospedador, transmisibilidad, etc. (Pérez-Ramírez et al., 2019).

Los VIA se clasifican no solo por su subtipo (combinación de HA y NA), sino también por su capacidad patogénica o patotipo. Así podemos diferenciar los virus de baja patogenicidad (VIABP) y los virus de alta patogenicidad (VIAAP). Ambos tienen capacidad de infectar, pero solo los de alta patogenicidad producen enfermedad grave con altas tasas de mortalidad en las aves de corral. Salvo raras excepciones, solamente los subtipos H5 y H7 son capaces de generar cepas de alta patogenicidad. Este proceso tiene lugar porque los virus de los subtipos H5 o H7 tienden a mutar en una región del gen HA que codifica el sitio de procesamiento proteolítico de la hemaglutinina, denominado HA0. Cuando un VIABP infecta a aves domésticas sufre un proceso de adaptación que provoca mutaciones a nivel del HA0, aumentando el número de residuos aminoácidos básicos en esa región de la proteína. Esta modificación hace que el virus pueda ser procesado por un rango más amplio de proteasas menos específicas y más ubicuas, de forma que el virus acaba accediendo a una gran cantidad de tejidos del hospedador, provocando una infección más generalizada y más grave.

Los virus influenza A presentan una gran variabilidad genética que se debe a dos fenómenos muy característicos de los virus influenza. Por un lado, la "deriva antigénica" o "*antigenic drift*" que es la acumulación de mutaciones en los genes que codifican

“ La actual epidemia no tiene precedentes, ha afectado a millones de aves en todo el mundo y también se ha extendido a mamíferos. Esta situación plantea nuevos desafíos en el control de la enfermedad. ”

las proteínas HA y NA y que pueden inducir cambios graduales en su estructura, dificultando en algunos casos el reconocimiento por el sistema inmunológico del hospedador. Por otro, el "desplazamiento antigénico" o "*antigenic shift*" que provoca cambios más drásticos en las proteínas HA y NA. El desplazamiento antigénico se produce cuando varios tipos de virus de influenza co-infectan una célula e intercambian segmentos de su genoma, lo que se denomina redistribución genética. Este proceso es el que ha estado detrás de la aparición de algunas de las variantes de gripe zoonótica que más impacto han tenido en salud humana, como por ejemplo la gripe pandémica H1N1 de 2009 que surgió en cerdos por un proceso de redistribución genética entre virus de influenza aviar, humana y porcina. Precisamente ese fenómeno es la razón por la que debemos intensificar la vigilancia virológica en los hospedadores que son susceptibles a diversos virus influenza. Estas especies se denominan "cocteleras víricas" porque pueden sufrir co-infecciones que den lugar a nuevas variantes con propiedades biológicas diferentes y mayor capacidad de salto de especie. Los cerdos son los animales que históricamente han tenido un papel más relevante como generadores de virus de gripe pandémica. Sin embargo, los visones tienen también una elevada susceptibilidad tanto a la gripe aviar como a la humana. Otras especies que pueden actuar como cocteleras víricas son los hurones, las focas y en menor medida

perros, gatos y varias especies de aves de corral como gallinas, pavos o codornices. Todas ellas disponen tanto de receptores virales de aves (alfa 2-3) como de humanos (alfa 2-6) (Abdelwhab et al., 2023). Por esta razón, las personas que por motivos profesionales tienen un contacto estrecho con estos animales deben estar sometidas a una vigilancia sanitaria más estricta que la población general. Por ejemplo, se recomienda que los trabajadores de las granjas porcinas, avícolas y de visones se vacunen cada año de gripe estacional, para reducir así el riesgo de que se produzcan infecciones simultáneas de gripe humana y aviar/porcina en estos animales susceptibles.

Epidemias cada vez más frecuentes y más graves en aves de corral

La incidencia de la influenza aviar en aves domésticas se ha incrementado de forma alarmante en los últimos 20 años, con brotes cada vez más frecuentes, más graves y con mayor extensión geográfica. Las olas epidémicas más importantes se han producido en 2005-2007, 2015-2017 y la más reciente que comenzó a finales de 2020. Estos eventos han provocado la muerte de millones de aves de corral como consecuencia directa de la infección o debido a los sacrificios que hay que aplicar en las explotaciones cuando se detecta un animal infectado para intentar evitar la expansión de la enfermedad. Una de las razones que explican este aumento



en el número de brotes es la gran intensificación que ha sufrido la industria avícola a nivel mundial. En los últimos 50 años, la población mundial de aves de corral se ha multiplicado por seis, pasando de 5,7 a 35 billones. Cada vez es mayor la densidad y la agregación, con explotaciones que albergan

provocada por el subtipo altamente patógeno H5N8 en Europa en 2016-17 se produjeron en granjas de patos, mientras que sólo el 9% se detectó en explotaciones de pollos (Napp et al., 2018). Esta epidemia tuvo un enorme impacto económico y sanitario en Europa, provocando la muerte de casi siem-

taja para su expansión geográfica. Cada año, estas aves recorren largas distancias desde sus áreas de cría a sus áreas de invernada (y al revés) y de esta forma los virus consiguen llegar a nuevos territorios con otros hospedadores disponibles en los que iniciar nuevos ciclos de replicación y transmisión.

“ Entre 2021 y 2024 este virus ha provocado la muerte de más de 311 millones de aves de corral, con un pico sin precedentes de 141 millones de aves en 2022 (OMSA, 2024). En total, más de 100 países se han visto afectados. ”

millones de aves, lo cual favorece la emergencia de cepas de VIAAP que son muy difíciles de controlar y erradicar.

El periodo de incubación de los VIAAP en aves de corral es normalmente de 3 a 7 días, dependiendo de la cepa implicada, la especie y la edad del ave. En la mayoría de los casos los animales aparecen muertos repentinamente sin signos previos de enfermedad. Solo en algunas ocasiones se observan signos clínicos como depresión e inapetencia, disminución o cese de puesta de huevos, plumas erizadas, diarrea, cresta y barbillas tumefactas y cianóticas, edema en la cabeza, secreción mucosa en narinas y cavidad oral, áreas de hemorragia y edema difuso en las patas y dificultad respiratoria. La muerte suele ocurrir en las primeras 48 horas desde la aparición de los síntomas y puede afectar entre el 50 y el 100% de los animales. Sin embargo, los VIAAP no provocan los mismos síntomas en todas las especies y además hay marcadas diferencias en cuanto a susceptibilidad dependiendo de la cepa vírica implicada. Por ejemplo, el 91% de los brotes declarados en la epidemia

te millones de aves de corral en 30 países. En aquel momento se trataba de la epidemia más grave ocurrida en el continente. Desgraciadamente, estos números han quedado ensombrecidos por la epidemia causada por el virus H5N1 (del clado 2.3.4.4b) desde finales de 2020, tal como explicaremos en los siguientes apartados.

La influenza aviar en aves silvestres

Las aves silvestres y especialmente las asociadas a los ambientes acuáticos constituyen el reservorio natural de los VGA. Este papel lo desempeñan principalmente las anátidas (patos, gansos y cisnes), las gaviotas y otras aves acuáticas como las limícolas. Hay algunos subtipos concretos que se encuentran casi exclusivamente en las gaviotas, como los H13-H16, lo que sugiere la existencia de rutas de transmisión independientes entre anátidas y gaviotas, con intercambios limitados entre ambos grupos.

El hecho de que muchas de estas especies de aves sean migratorias otorga a los VIA una gran ven-

Aunque las aves acuáticas son las protagonistas en cuanto al mantenimiento y la transmisión, los VIA se han detectado también en otras especies más relacionadas con ambientes terrestres como gorriones, estorninos, mirlos, etc. Aunque la presencia de VIA en estas aves es mucho menos frecuente, es muy importante incluirlas en los planes de vigilancia sanitaria porque pueden actuar como “puente” entre los ambientes acuáticos y las aves de corral, transportando el virus desde los humedales hasta las granjas avícolas (Sánchez-Cano et al., 2024).

Históricamente se consideraba que los VIA eran una grave amenaza para las aves de corral pero que tenían poco o ningún impacto en la fauna silvestre porque hasta 2002 solo se había descrito un brote que afectara a aves silvestres. Ocurrió en Sudáfrica en 1961 y provocó la muerte de 1300 charranes comunes (*Sterna hirundo*) (Becker, 1966). La primera evidencia de que se había producido un cambio tuvo lugar, como se ha indicado, en el año 2002. El virus altamente patógeno H5N1, que había sido detectado por primera vez en gansos domésticos en China en 1997, provocó la muerte de numerosas aves silvestres en dos parques de Hong Kong. En los siguientes años se notificaron más muertes sobre todo en aves rapaces y carroñeras. A partir de 2004, los brotes en aves silvestres empezaron a aumentar y a extenderse geográficamente llegando, por ejemplo, al lago Qinghai en

China donde murieron en 2005 más de 6000 aves acuáticas, principalmente ánsares indios (*Ansar indicus*), llegando a desaparecer en pocos días el 10% de su población mundial. Ésta fue la primera gran evidencia de que el virus era capaz de causar elevadas mortalidades también en aves silvestres.

El cuadro clínico que desarrollan las aves silvestres tras la infección por un VIAAP depende de la cepa viral implicada y de la especie afectada. En general, se observan signos tempranos de debilidad y letargia que progresan rápidamente a sintomatología neurológica como parálisis, temblores, marcha en círculos, dificultad para volar o nadar y finalmente la muerte.

Desde 2005 ha continuado la detección del virus en aves silvestres enfermas o muertas. Sin embargo, en Europa la incidencia no fue muy alta hasta la temporada 2016-2017 en la que un nuevo subtipo de VIAAP, en este caso H5N8, causó casi 1000 brotes (Napp et al., 2018). Entre 2017 y 2020 apenas se declararon casos en animales silvestres, pero a finales de 2020 empezó una nueva oleada que está teniendo conse-

cuencias devastadoras tanto en la industria avícola como en la fauna silvestre.

La mayor epidemia de influenza aviar de la historia

A partir de 2020, las notificaciones de influenza aviar de alta patogenicidad (IAAP) en aves domésticas y silvestres incrementaron significativamente. En un principio, el virus que causaba el mayor número de brotes era H5N8, pero a partir de 2021 el subtipo H5N1, perteneciente al clado genético 2.3.4.4b, se hizo predominante en todo el mundo y así se ha mantenido hasta la actualidad. Entre 2021 y 2024 este virus ha provocado la muerte (por enfermedad o sacrificio) de más de 311 millones de aves de corral, con un pico sin precedentes de 141 millones de aves en 2022 (OMSA, 2024). En total, más de 100 países se han visto afectados. En muchos de ellos ha habido un impacto directo en el coste de los productos avícolas con un incremento importante en el precio de los huevos o la carne de ave.

La IAAP representa una amenaza constante en Europa. De hecho, en esta última ola epidémica, ha sido la región más afectada con más del 65% del total de notificaciones de brotes en todo el mundo. Entre 2021 y 2023 el virus provocó la muerte de más de 100 millones de aves de corral y más de 400.000 aves silvestres. Se trata de la mayor epidemia jamás registrada en el continente con una extensión geográfica nunca vista desde el sur de Portugal hasta el norte de Noruega y el este de Ucrania.

La enfermedad también ha tenido graves consecuencias en España, especialmente en el año 2022 cuando se declararon 184 focos en 32 provincias, lo que supuso un incremento de diez veces en el número de brotes en comparación con el periodo 2005-2021. En 2023 el número de casos en aves de corral disminuyó considerablemente, con un solo foco notificado en febrero en una granja de pavos en Lleida que fue rápidamente controlado. Las aves silvestres, sin embargo, sufrieron ese año un impacto mucho mayor de la enfermedad con más de 70 casos, destacando el brote en la Albufera de Valencia que causó la muerte de

Notificaciones mensuales de influenza aviar altamente patógena en España 2006-mayo 2024

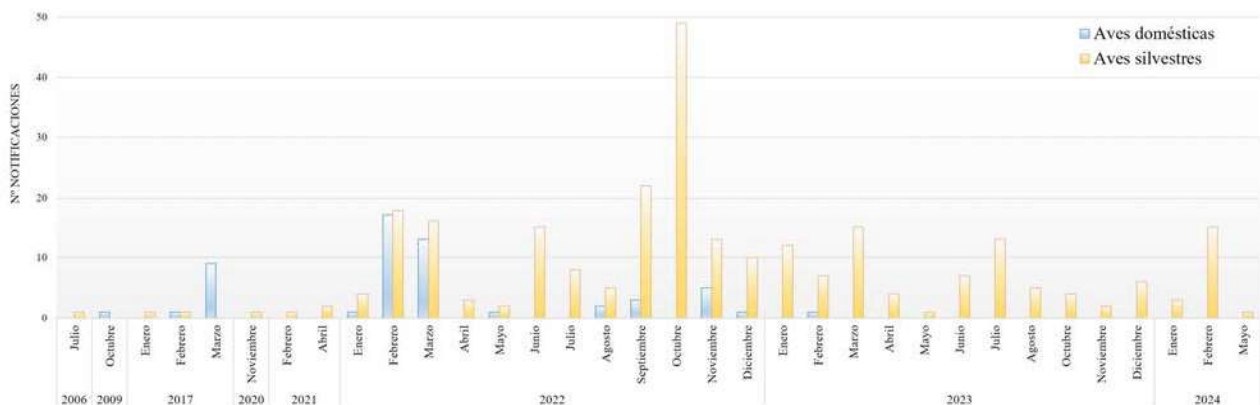


Figura 2. Notificaciones mensuales de IAAP en España entre 2006 y mayo 2024 en aves domésticas y silvestres.

“ Los cambios en la dinámica temporal del virus, unidos a una mayor susceptibilidad de las aves silvestres contribuyen a que circule mayor cantidad de virus y durante más tiempo, lo que facilita una gran expansión geográfica. ”

más de 500 charranes patinegros (*Thalasseus sandvicensis*), además de otras especies de charranes, pagazas y gaviotas.

En los últimos tres años y medio el virus H5N1, y en concreto, el clado 2.3.4.4b, ha sufrido una serie de cambios epidemiológicos muy relevantes que nunca antes se habían observado, tal y como se detalla a continuación.

El virus se mantiene activo todo el año

Un aspecto especialmente preocupante de este virus es que ha perdido su característico patrón estacional y ha ocasionado brotes importantes durante todo el año. Históricamente, la IAAP era una enfermedad estacional asociada a los meses fríos, como ocurre con la gripe humana. Los brotes en Europa se limitaban a los meses de otoño e invierno, coincidiendo con el paso migratorio de las aves hacia sus zonas de invernada. Sin embargo, desde 2020 se ha observado la presencia del virus también durante la primavera y el verano. El virus ha adquirido carácter endémico en las poblaciones de aves silvestres, de forma que el salto a las aves domésticas se puede producir en cualquier momento del año. Esta variación en la estacionalidad podría deberse a una combinación de factores como cambios en las rutas migratorias de las aves afectadas, variaciones climáticas globales y una mayor resistencia del virus frente a diversas condiciones ambientales. Estos cambios

en la temporalidad de la enfermedad tienen repercusiones muy importantes tanto a nivel económico como sanitario, y resaltan la necesidad urgente de adaptar las estrategias convencionales de control y prevención de la enfermedad a la nueva situación epidemiológica. El riesgo de introducción de la enfermedad ya no se limita a unos meses, sino que ahora se extiende a prácticamente todo el año.

Estos cambios en la dinámica temporal del virus, unidos a una mayor susceptibilidad de las aves silvestres, contribuyen a que circule mayor cantidad de virus y durante más tiempo, lo que facilita una gran expansión geográfica. El virus es ahora capaz de llegar a zonas donde nunca antes lo había hecho. Por ejemplo, la inusual presencia del virus en Norteamérica durante la primavera y el verano de 2022 favoreció la difusión de la enfermedad a Centro y Sudamérica a través de las migraciones norte-sur de las aves silvestres que se inician a final del verano.

Enorme extensión geográfica

El virus H5N1 ha alcanzado una distribución mundial en apenas tres años. A fecha de junio de 2024 el virus está presente en todos los continentes excepto en Oceanía. En Australia se ha declarado recientemente un caso humano de H5N1 pero no es del clado 2.3.4.4b ni es un caso autóctono, sino que se trata de un niño que se infectó en la India y viajó con su familia a Australia,

donde fue diagnosticado. El país ha declarado también en las últimas semanas varios brotes de IAAP en aves de corral, pero no han sido causadas por el subtipo H5N1 sino por el subtipo H7N3. Así que, por el momento, Oceanía es el único continente oficialmente “libre” de influenza aviar H5N1.

Tras provocar miles de brotes en Europa, este virus fue capaz de cruzar el océano Atlántico a finales de 2021 y llegar hasta Norteamérica causando estragos en el sector avícola y en las aves silvestres en Canadá, Estados Unidos y México. Desde allí, el virus ha seguido extendiéndose hasta el sur del continente afectando a prácticamente todos los países sudamericanos, desde Perú hasta el extremo más austral de Chile y Argentina.

Desafortunadamente el virus ha conseguido, por primera vez, llegar a la Antártida, tal como confirmaron investigadores españoles del Centro de Biología Molecular Severo Ochoa, que identificaron por primera vez la presencia del virus en págalos subantárticos (*Stercorarius antarcticus*) que aparecieron muertos cerca de la base antártica argentina “Primavera”. Posteriormente, estos investigadores participaron en la expedición internacional “Australis” por el norte del Mar de Weddel y pudieron confirmar que el virus había llegado a otras islas antárticas en las que se habían producido brotes de mortalidad en págalos. Por el momento no se ha detectado el virus en pingüinos en territorio antártico, pero el impacto podría ser inmenso por la elevadísima densidad de estas aves en las colonias de cría y porque no han tenido contacto previo con el virus lo que les hace más susceptibles a sufrir mortalidades masivas.

Impacto devastador en las aves silvestres

Como hemos explicado antes, los brotes de influenza aviar en aves silvestres eran muy poco frecuentes y solo afectaban a algunas especies altamente susceptibles. Además, estos brotes solían producirse en áreas determinadas con una elevada presencia de aves de corral. Sin embargo, el VIAAP H5N1 ha conseguido replicarse masivamente en aves silvestres, provocando mortalidades sin precedentes en una enorme variedad de especies. De hecho, el virus se ha detectado en 383 especies de aves pertenecientes a 52 familias y 25 órdenes diferentes (Sacristán et al., 2024). Los brotes afectan ahora a aves silvestres en localizaciones remotas, como la Antártida, a miles de kilómetros de áreas habitadas.

Las aves más afectadas han sido, por un lado, las coloniales marinas y por otro, las rapaces y carroñeras. En estas especies se han producido tasas de mortalidad sin precedentes que han estado a punto de causar el colapso de algunas poblaciones amenazadas. El impacto sobre la avifauna silvestre ha sido enorme en países como Perú, Chile, Reino Unido, Canadá, Francia, Noruega, Senegal o Sudáfrica. En Perú se calcula que unas 220.000 aves silvestres sucumbieron a la enfermedad entre octubre de 2022 y marzo de 2023. El virus provocó en menos de 5 meses la muerte de aproximadamente el 20% de todos los pelícanos del país (Gamarra-Toledo et al., 2023). En Reino Unido el virus fue letal para más de 20.000 aves marinas en 2022, muchas de ellas pollos, lo cual tiene un enorme impacto en la supervivencia de estas especies, que ya de por sí se

enfrentan a otros grandes retos como la contaminación, el cambio climático y la pérdida de hábitats de cría. Además, hay que tener en cuenta que la mortalidad en el caso de la fauna silvestre siempre es una infraestimación porque la mayoría de los cadáveres nunca se encuentran o no se notifican.

Para poder evaluar de forma precisa el impacto a largo plazo de esta panzootia en las aves silvestres y en los ecosistemas naturales es imprescindible realizar un seguimiento exhaustivo de la enfermedad en la fauna silvestre. Para ello, es preciso mejorar los sistemas que permiten recopilar y compartir sin restricciones estos datos a nivel internacional entre investigadores y agencias gubernamentales.

Frente a la creencia popular que a menudo culpa a las aves migratorias de causar los brotes de

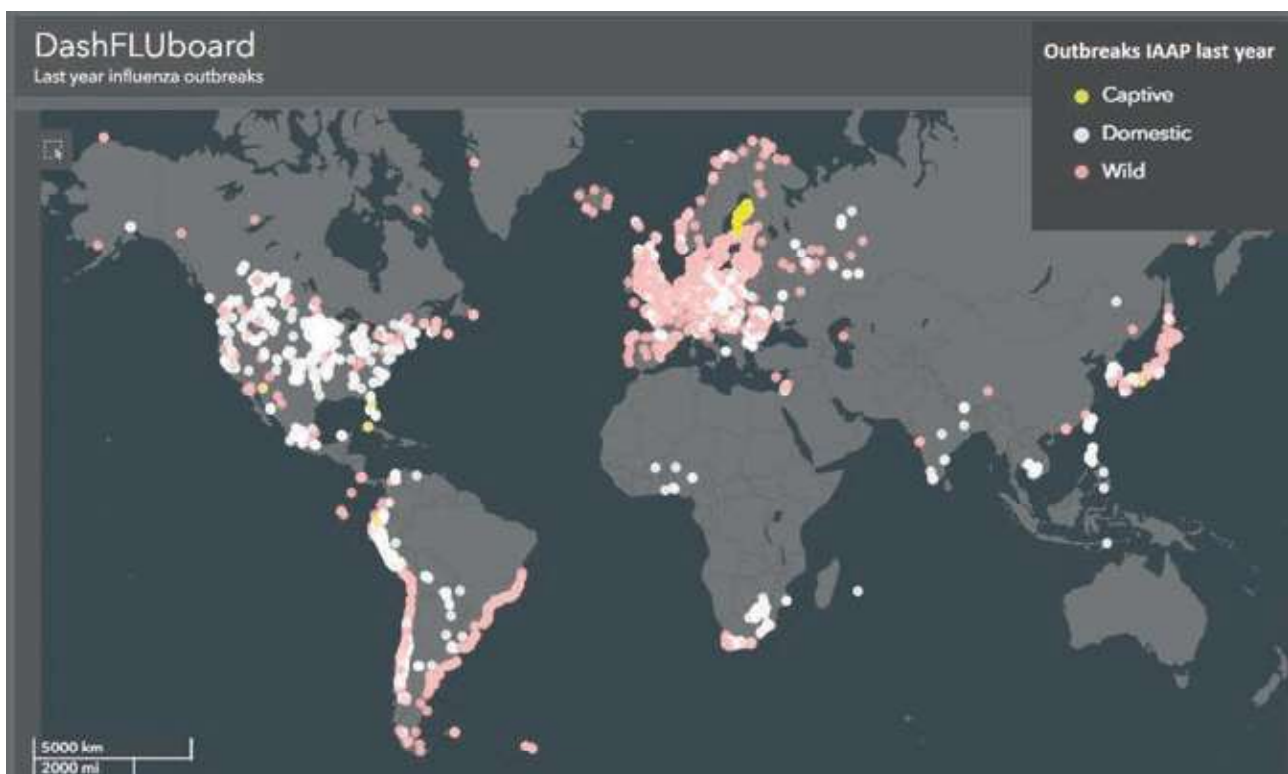


Figura 3. Situación mundial de la IAAP en el último año (junio 2023-junio 2024). Los brotes se visualizan como puntos blancos en aves domésticas, rojos en silvestres y amarillos en granjas de peleteras y zoológicos. Este cuadro de mandos actualizado semanalmente y con varias pantallas interactivas está disponible en DashFLUboard y ha sido desarrollado por el grupo de Epidemiología y Sanidad Ambiental del CISA-INIA, CSIC.

influenza aviar, se ha demostrado que las aves silvestres son también víctimas de esta enfermedad que en los últimos años se ha convertido en una enorme amenaza para la conservación de la biodiversidad.

Saltos cada vez más frecuentes a mamíferos silvestres

Uno de los cambios epidemiológicos del virus H5N1 que más preocupan es su capacidad para saltar a diversas especies de mamíferos tanto silvestres como domésticos.

En el pasado se han producido contagios esporádicos de mamíferos silvestres tras contacto estrecho con aves enfermas o muertas. Los animales más afectados solían ser los zorros y también algunos mamíferos marinos, prin-

cipalmente focas. Sin embargo, desde 2021 el virus ha incrementado de manera alarmante su rango de hospedadores, llegando a infectar a más de 50 especies de mamíferos, desde osos, nutrias o mofetas hasta elefantes marinos, delfines y morsas. El 80% de las especies afectadas han sido carnívoros, pero también se han identificado casos en omnívoros e incluso en herbívoros, incluyendo varias especies amenazadas y en peligro crítico de extinción. La distribución geográfica de los brotes en mamíferos también se ha ampliado enormemente, pasando de 10 países con casos declarados entre 2003 y 2019 a 26 países entre 2020 y 2023 (Plaza et al., 2024). Aunque Europa y Estados Unidos han sufrido numerosos brotes en mamíferos silvestres, la región más afectada ha sido Sudamérica, especialmente Perú, Chile y Argentina donde han muer-

to decenas de miles de leones y elefantes marinos. Un ejemplo del impacto catastrófico de la enfermedad lo encontramos en el gran brote que se produjo en la costa patagónica de Argentina donde murieron entre octubre y noviembre de 2023 unas 17.400 crías de elefante marino (*Mirounga leonina*), lo que supone un 96% del total de la población de ese año en la región (Campagna et al., 2023).

La vía de contagio más probable en estos casos de mamíferos marinos es el contacto estrecho con aves enfermas, pero, considerando el carácter colonial de estas especies y la gran cantidad de individuos infectados, es altamente probable que se haya producido también transmisión horizontal entre mamíferos, especialmente en los grandes brotes en leones marinos (*Otaria flavescens*) en Perú y Chile.

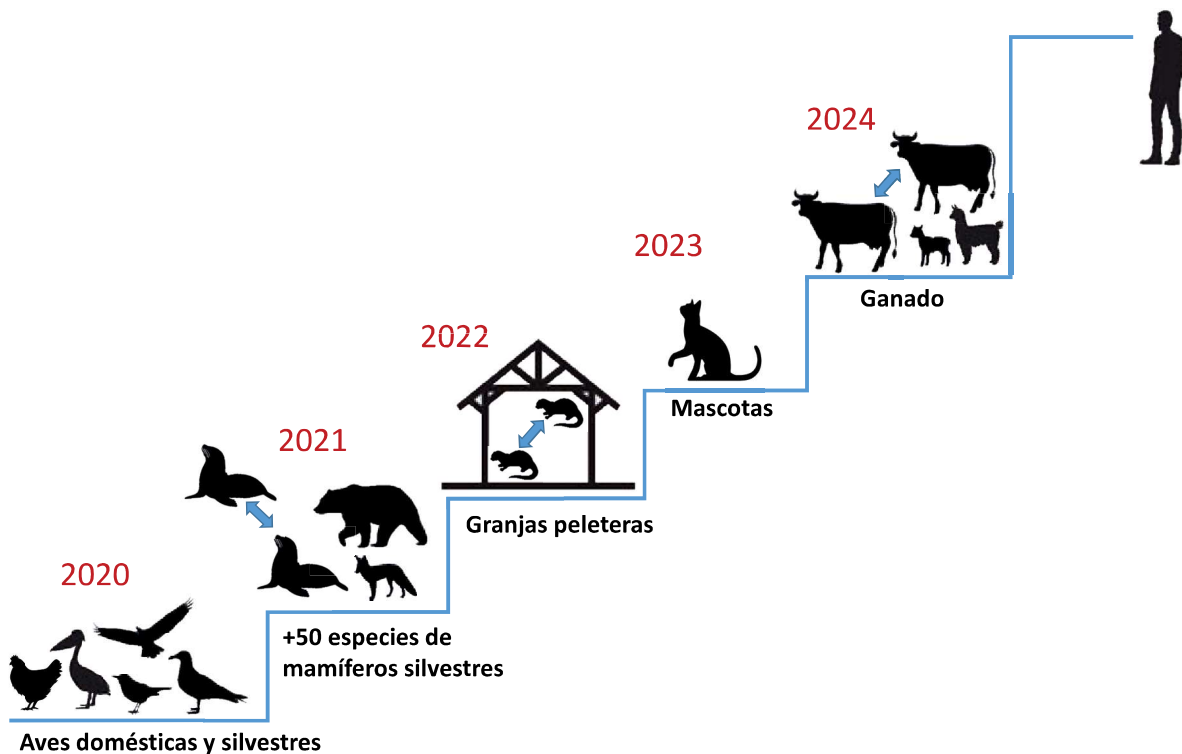


Figura 4. La escalera del riesgo zoonótico del VIAAP H5N1. En la imagen se muestran los distintos escenarios de riesgo por los que el virus ha ido avanzando desde finales de 2020. En cada escalón, una nueva oportunidad de adaptación a los mamíferos y por tanto mayor posibilidad de “acercarse” al ser humano. Desconocemos si el salto definitivo (y la adaptación) al ser humano llegará a producirse, si lo hará desde las vacas o si tendremos que añadir nuevos escalones intermedios con otras especies afectadas. Con flecha azul se muestran los casos donde se ha producido transmisión entre mamíferos.

Brotos en granjas peleteras

En la escalera del riesgo zoonótico (Figura 4) avanzamos un escalón más cuando se empezaron a producir brotes de enfermedad en visones y otras especies en granjas peleteras. Ya no se trataba de mamíferos silvestres con los que apenas tenemos contacto, sino que en este caso hablamos de animales muy susceptibles a diversos virus respiratorios, que además se crían en altas densidades y que tienen una interacción mucho mayor con el ser humano.

En octubre de 2022 se declaró un brote de influenza aviar en una granja peletera en Galicia que obligó a sacrificar a los 50.000 visones americanos (*Neovison vison*) que se alojaban en ella. En este caso no sólo se produjo el salto del virus de aves silvestres a mamíferos, sino que por las características genéticas de los virus aislados en los visones y por la forma en la que la enfermedad se extendió dentro de la granja, parece evidente que el virus consiguió adaptarse en tiempo récord a la transmisión entre visones. Este hecho fue muy preocupante porque supuso la primera evidencia en todo el mundo de que un VIAAP podía transmitirse de forma eficaz entre mamíferos. Además, en los virus aislados en los visones se identificó una mutación poco frecuente que aumenta la capacidad de este virus para reconocer y unirse a los receptores de las células humanas. Esta misma mutación estaba presente también en el virus de gripe pandémica H1N1 de 2009 (Agüero et al., 2023).

Afortunadamente, los servicios veterinarios actuaron rápido identificando y controlando el brote y no hubo ningún trabajador de la granja afectado. Probablemente la obligatoriedad del uso de equipos de protección individual que se impuso tras los múltiples bro-

tes de COVID-19 en granjas peleteras, impidió que los trabajadores se contagiaran.

En el verano de 2023 se produjeron nuevos brotes de IAAP H5N1 en granjas peleteras en Finlandia, uno de los principales productores europeos de peletería. En un primer informe se notificaron brotes en 20 explotaciones (Lindh et al., 2023), pero cuando los programas de vigilancia virológica se extendieron a todo el país, se acabó confirmando la presencia del virus (por PCR) o de anticuerpos

2023). Además, como ya se expuso en apartados anteriores, el visón es una especie "coctelera" donde se pueden producir eventos de redistribución genética entre distintos virus de influenza que den lugar a nuevas variantes con mayor capacidad para infectar a las personas. Teniendo en cuenta todos los riesgos virológicos (SARS-CoV-2, influenza aviar, etc.) asociados a la cría de este tipo de animales, sería apropiado evaluar si los beneficios generados por esta industria compensan los

“ El virus altamente patógeno de origen aviar no solo se ha adaptado a las vacas, sino que, desde este nuevo hospedador, se está transmitiendo de vuelta a las aves y también a otros mamíferos. ”

específicos (por serología) en 71 granjas. Los casos positivos se han encontrado mayoritariamente en visón americano, pero también en zorro ártico y en perro mapache. Como en el caso de Galicia, la fuente de contagio fue el contacto estrecho con aves silvestres infectadas que, por la baja bioseguridad de este tipo de explotaciones, pueden acceder hasta la zona donde está la comida de los animales. También en Finlandia se constató la transmisión entre visones, aunque afortunadamente no se ha identificado ningún caso de contagio a los trabajadores.

Es esencial tomar medidas preventivas para evitar que la influenza aviar llegue a este tipo de granjas donde el virus tiene disponibles miles de individuos de especies altamente susceptibles. Es un caldo de cultivo perfecto para que un virus aviar "ensaye" su adaptación a mamíferos y, por tanto, se acerque cada vez más al ser humano (Peacock y Barclay,

grandes costes sanitarios y ecológicos que suponen.

Influenza aviar en gatos domésticos

En el pasado se han producido algunos casos aislados de influenza aviar H5N1 en gatos domésticos que se infectaban por tener contacto estrecho o ingerir aves enfermas o muertas. La elevada susceptibilidad de los gatos a la infección y su capacidad de transmitirse el virus entre ellos se ha demostrado también experimentalmente (Rimmelzwaan et al., 2006). Sin embargo, hasta el verano de 2023 nunca se había notificado un brote masivo en esta especie. En el mes de junio se empezaron a producir muertes inusuales de gatos domésticos en distintas regiones de Polonia. En poco tiempo, los servicios veterinarios confirmaron que estos brotes se debían al VIAAP H5N1. El análisis genómico de los virus aislados en los gatos confirmó

