



Panorama internacional

Influenza Aviar



julio 2024


Evento
Tipo de Análisis
Seguimiento epidemiológico

Panorama Internacional de Influenza aviar

Situación actual

De acuerdo con lo reportado a la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA), del 01 de enero al 10 de julio de 2024, se identificaron **995 focos de influenza aviar de alta patogenicidad (IAAP)** distribuidos en **47 países o territorios** (cuatro de África, seis de América, nueve de Asia, veintiséis de Europa, uno de Oceanía y otro en la Antártica); 370 de los focos reportados en este periodo fueron en aves domésticas, 448 en aves silvestres y 177 en mamíferos, de los cuales 84 han sido en bovinos de explotación comercial; asimismo, los subtipos reportados fueron **H5N1 (90.62% del total de focos)**, **H5N5 (5.38%)**, **H5 (1.60%)**, **H5N6 (1.14%)**; el **1.26% restante** pertenece a los subtipos **H5N2, H7N3, H7N9** y **H5N8 (Tabla 1)**:

Tabla 1. Focos reportados a través de la OMSA del 01 de enero al 10 de julio de 2024.

País	Focos	Alta Patogenicidad	Especies
África (9 focos)			
Sudáfrica	3	H5	domésticas / silvestres
Nigeria	3	H5N1	domésticas
Burkina Faso	2	H5N1	domésticas
Gabón	1	H5N1	domésticas
América (339 focos)			
Estados Unidos de América (EUA)	263	H5N1	domésticas / silvestres / mamíferos
Perú	29	H5	domésticas
Canadá	28	H5, H5N1, H5N5	domésticas / silvestres / mamíferos
Brasil	15	H5N1	silvestres
México	3	H5N1, H5N2	domésticas / silvestres
Ecuador	1	H5N1	domésticas
Antártica (2 focos)			
Antártica	2	H5, H5N1	silvestres
Asia (164 focos)			
Japón	79	H5N1, H5N5, H5N6	domésticas / silvestres
Taiwán	37	H5N1	domésticas / silvestres
Corea del Sur	14	H5N1, H5N6	domésticas / silvestres
India	10	H5N1	domésticas
Camboya	8	H5N1	domésticas
Israel	7	H5N1	silvestres
Filipinas	4	H5N1	domésticas
China	4	H5, H5N1, H5N6	silvestres
Iraq	1	H5N1	silvestres
Europa (470 focos)			
Alemania	124	H5N1, H5N5, H5N8, H7N5	domésticas / silvestres / mamíferos
Dinamarca	69	H5N1	domésticas / silvestres
Polonia	46	H5N1	domésticas / silvestres
República Checa	34	H5N1	domésticas / silvestres
Moldavia	22	H5N1	domésticas / silvestres
Hungría	22	H5N1, H5N2	domésticas / silvestres
Suecia	21	H5, H5N1	domésticas / silvestres
Rumania	20	H5N1	domésticas / silvestres
Bulgaria	16	H5N1	domésticas
Países Bajos	15	H5N1	silvestres
Eslovenia	13	H5N1	silvestres
Austria	12	H5N1	domésticas / silvestres
Ucrania	11	H5N1, H5N2	domésticas / silvestres
Francia	11	H5, H5N1	domésticas / silvestres
Reino Unido	9	H5N1, H5N5	domésticas / silvestres
Noruega	7	H5N1, H5N5	domésticas / silvestres / mamíferos

Situación internacional

Análisis Estratégico de Riesgos Sanitarios

Italia	4	H5N1	domésticas / silvestres
España	3	H5N1	silvestres
Eslovaquia	3	H5N1	domésticas
Bélgica	2	H5N1	silvestres
Rusia	1	H5N1	domésticas
Finlandia	1	H5N1	silvestres
Letonia	1	H5N1	silvestres
Bosnia-Herzegovina	1	H5N1	silvestres
Chipre	1	H5N1	silvestres
Lituania	1	H5N1	silvestres
Oceanía (11 focos)			
Australia	11	H7N3, H7N8, H7N9	domésticas

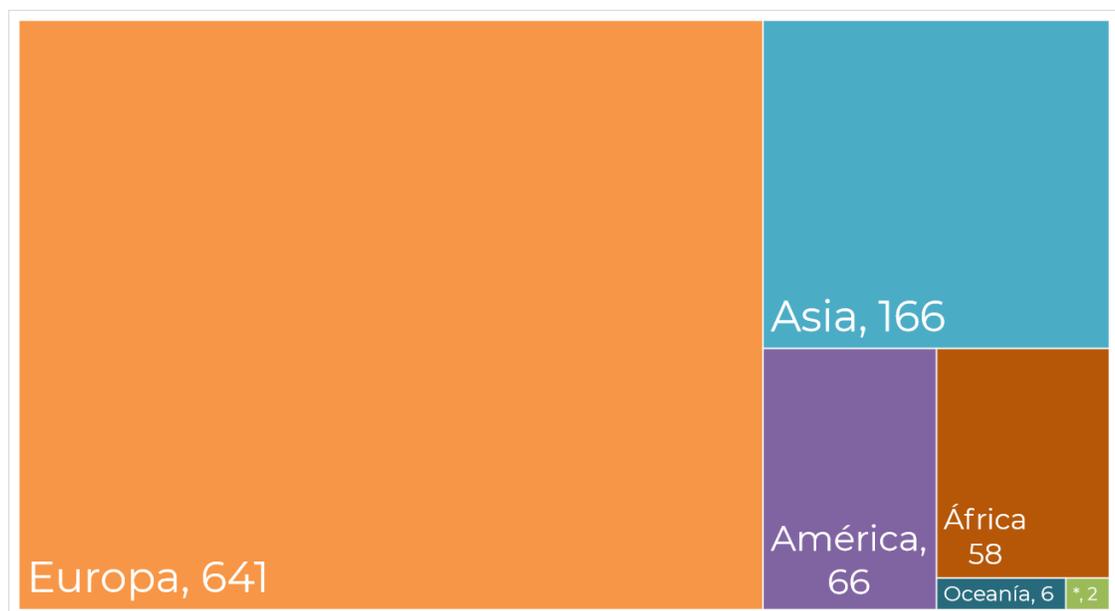
Cabe señalar que **en este periodo** se han reportado **66 nuevos eventos** correspondientes a **35 países**: Moldavia (**10**), Alemania (**6**), India, y Ucrania (**4 cada uno**), Australia, China, Hungría y Suecia (**3 cada uno**); Noruega, Antártica y Camboya (**2 cada uno**); Bosnia-Herzegovina, Japón, Burkina Faso, Eslovaquia, Lituania, Eslovenia, Dinamarca, España, Italia, Filipinas, Letonia, Chipre, México, Perú, Corea del Sur, Polonia, Rumania, Reino Unido, Bulgaria, Rusia, República Checa, Iraq, Finlandia, Gabón (**uno cada uno**).

Eventos de IA reportados a nivel mundial entre 2020 y 2024

Respecto a la distribución de la enfermedad, los cinco continentes y la Antártica se han visto afectados por brotes de IA; entre el **2020 y 2024**, se han reportado focos **en 939 eventos** de **106 países** (Tabla 2; Gráfica 1):

Tabla 2. Eventos reportados por continente (enero de 2020 al 10 de julio de 2024).

Continente/ Territorio	Países Afectados	Eventos Reportados	Eventos Activos
Europa	40	641	23
Asia	23	166	17
América	21	66	24
África	21	58	23
Oceanía	1	6	3
Antártica	1	2	0



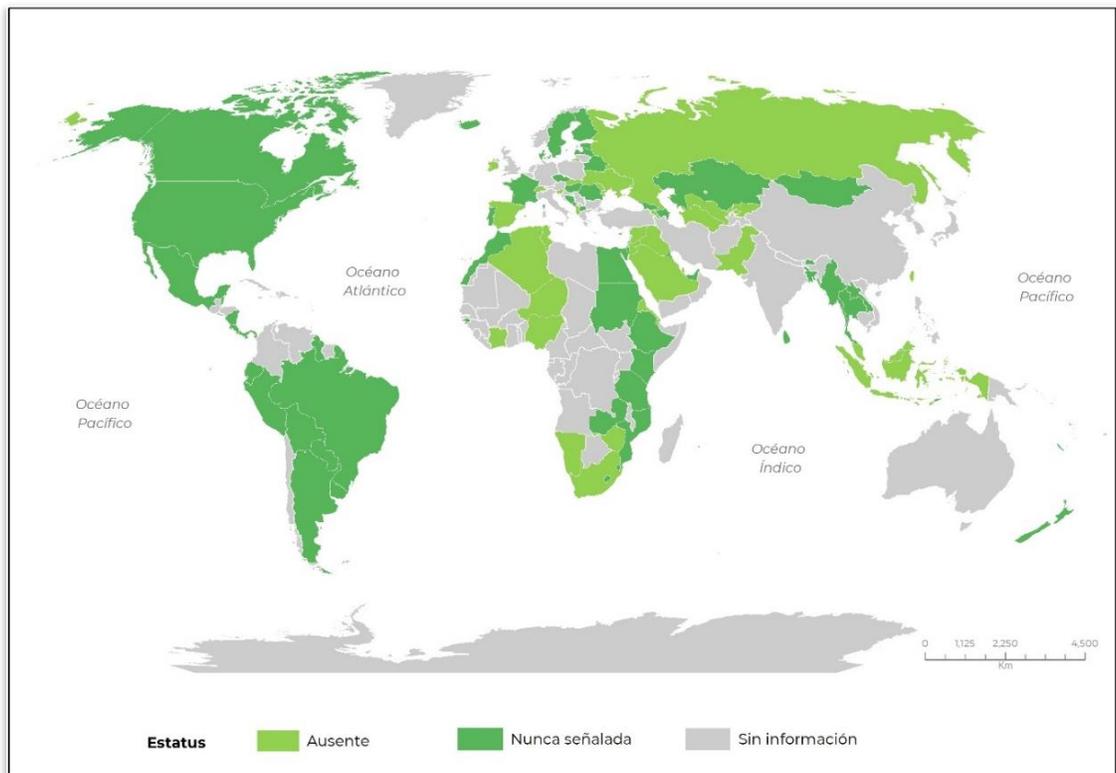
*Antártica

Gráfica 1. Eventos de IA reportados por continente (enero de 2020 al 10 de julio de 2024).

Estatus sanitario y detecciones de influenza aviar de baja patogenicidad (IABP).

Conforme al **Código Sanitario para los Animales Terrestres de la OMSA, a partir de la actualización del 2021**, el objetivo principal de las recomendaciones para la influenza aviar se plantea en referencia a lo establecido para la infección por el virus de IAAP, sin embargo, **los virus de IABP** pueden tener el potencial de ejercer un impacto negativo en la sanidad animal y la salud pública. Debido a las características del virus, puede presentarse un **aumento súbito e inesperado de la virulencia del virus de la IABP** en las aves de corral, especialmente los subtipos H5 y H7, lo que deberá notificarse como enfermedad emergente ante la OMSA; así mismo, una infección en las aves domésticas o silvestres cautivas por el virus de la IABP **cuya transmisión natural se ha demostrado en el hombre**, y que está asociada a consecuencias graves también **deberán ser notificados**.

A partir del 2022, se ha registrado para el estatus de **“Influenza aviar de baja patogenicidad transmisible en el hombre”**, un total de **39 países como “Ausente”** y **77 países como enfermedad “Nunca señalada”** (Mapa 1).



Mapa 1. Estatus IABP transmisible en el hombre (julio de 2024).

Estatus sanitario y detecciones de influenza aviar de alta patogenicidad

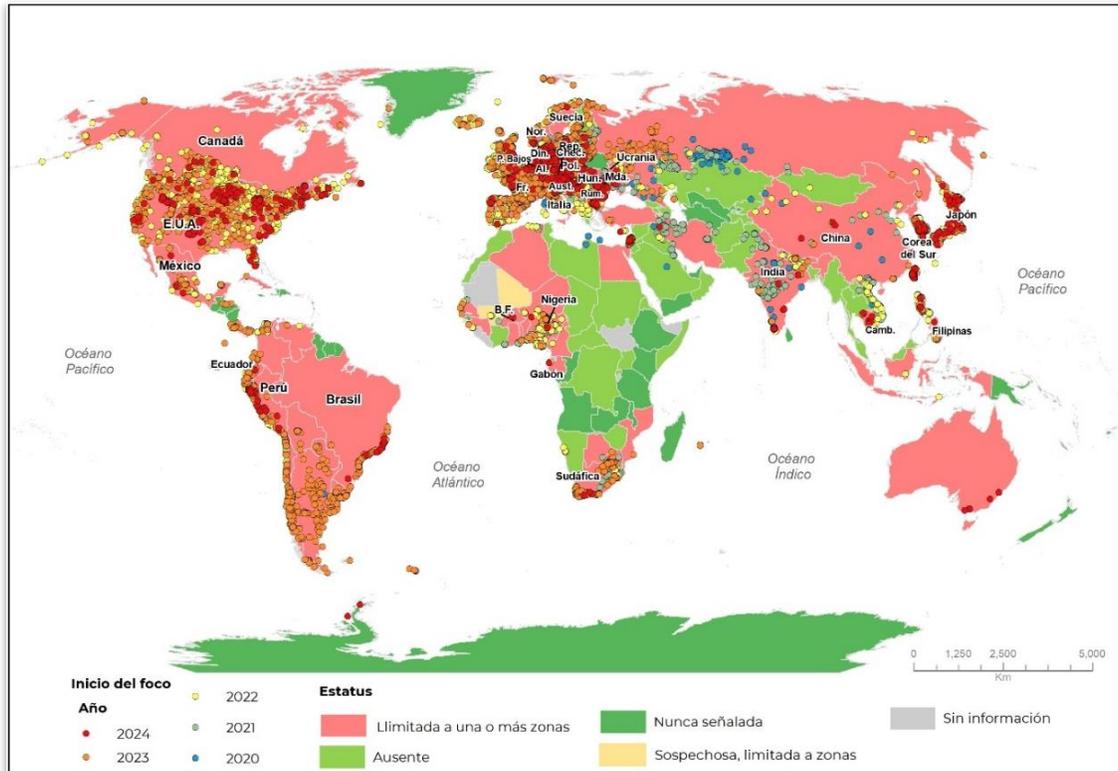
De enero de 2020 al 10 de julio de 2024, se han presentado **21,812 focos en 106 países en seis continentes, acumulando un total de 331,162,857 animales afectados** (muertos o sacrificados) de acuerdo con los informes enviados a la OMSA (Tabla 3):

Tabla 3. Focos y afectaciones por continente (enero de 2020 al 10 de julio de 2024).

Continente/ Territorio	Países afectados	Focos	Animales Afectados
Europa	40	14,839	117,825,967
América	21	3,442	125,596,758
Asia	23	2,608	69,298,155
África	21	907	16,200,774
Oceanía	1	14	2,241,200
Antártica	1	2	3

De acuerdo con los últimos informes semestrales emitidos ante la OMSA con respecto a la **IA de alta patogenicidad (AP)**, actualmente **75 países** (13 en África, 15 en Asia, 30 en Europa, 1 en Oceanía y 16 en América) cuentan con estatus de **enfermedad "Limitada a zonas"** y Malí cuenta con estatus de **"Sospechosa limitada a zonas"**; adicionalmente, Antártida, Bosnia y Herzegovina, Chipre, Finlandia, Gambia, Grecia, Groenlandia, Guatemala, Honduras, Hong Kong, Irlanda, Islas Georgias del Sur e Islas Sándwich del Sur, Islas Malvinas, Kazajistán, Letonia, Mauritania, Montenegro y Macedonia del Norte, reportaron el estatus de enfermedad **"Limitada a zonas" únicamente en aves silvestres**.

Del total de focos reportados, el 68.03% fueron de Europa, el 15.78% en América, el 11.96% en Asia y el 4.23% restante entre África, Oceanía y la Antártica (**Mapa 2**).

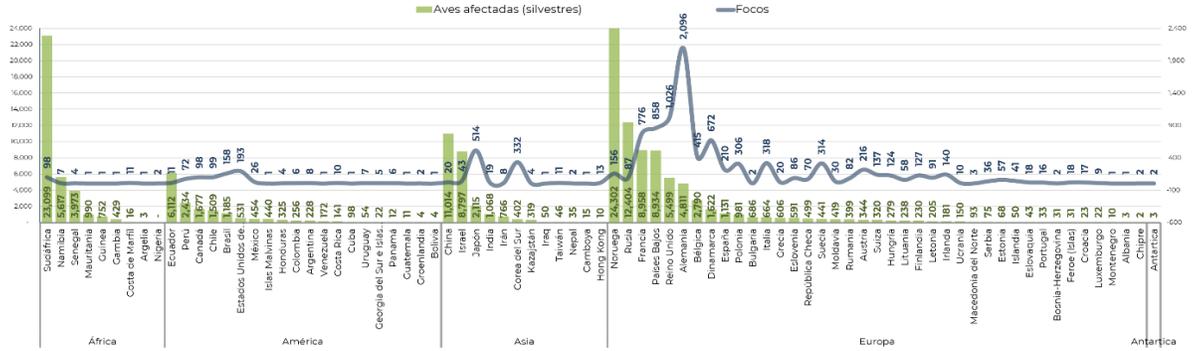


Mapa 2. Estatus zoonosario y focos de IAAP reportados (enero de 2020 al 10 de julio de 2024).

Temporalidad de las detecciones de IAAP

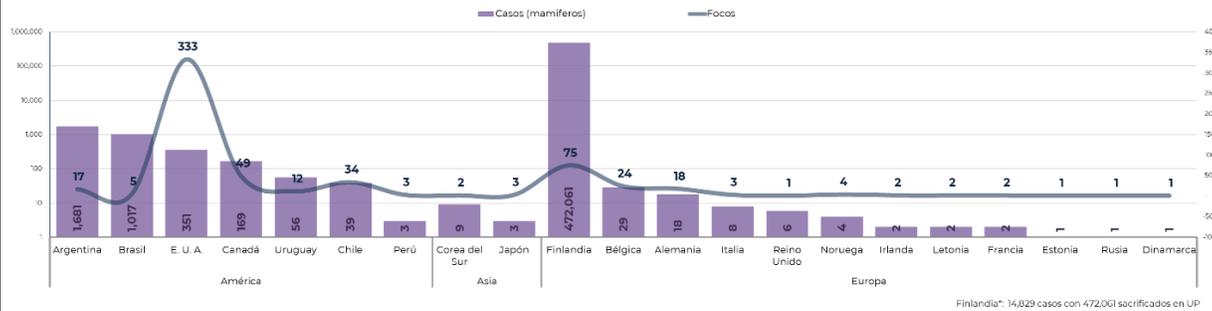
De acuerdo con el seguimiento de los focos por fecha de inicio de cada evento, entre enero de 2020 al 10 de julio de 2024, en la **Gráfica 2** se observan **picos marcados entre los meses de noviembre y marzo**, el primero, con inicio en noviembre de 2020, con un promedio de 648 focos por mes; el segundo repunte, iniciado en noviembre 2021 alcanzó 988 focos en promedio con un máximo de 1,355 en el mes más alto, lo que representa también el mayor número registrado en un mes de los últimos ocho años; durante el tercer pico de octubre 2022 a marzo 2023, se promediaron 841 focos mensuales, lo que muestra una ligera tendencia a la baja, lo que se reitera en el siguiente pico, que promedia 315 focos mensuales. Entre el 2020 y 2021, poco más del **75% de los focos se observaron en Europa**, y para el 2022 y 2023 esta tendencia bajó a 65% debido al aumento de la presencia del virus en América.

Durante 2022 inició el brote de H5N1 en **América**, presentando el mayor impacto en los primeros meses, con una tendencia decreciente entre junio y agosto; posteriormente, entre septiembre 2022 y abril 2023 los reportes aumentaron, así como la diseminación de la enfermedad a otros países del continente, manteniendo un promedio de 181 focos por mes, para posteriormente observar una disminución gradual hasta octubre del 2023, donde se mostró nuevamente un ligero aumento que ha tendido a la baja en los últimos meses (**Gráfica 2**).



Gráfica 5. Focos y aves silvestres afectadas, por continente y por país (enero de 2020 al 10 de julio de 2024).

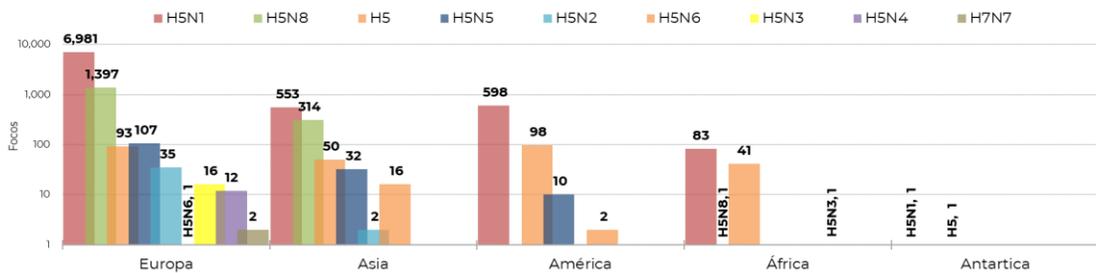
Durante este periodo, también se han reportado eventos en **mamíferos** (ardilla, bovinos, camello, cabras, chungungo*, coatí, coyote, delfín, elefante marino, foca, gato, huillín*, león, leopardo, lince, lobo marino, mapache, marta*, mustélido*, nutria, oso marino, oso negro, oso pardo, oso polar, pekán*, perro, puma, ratón, tanuki*, tigre, tlacuache, turón*, visón, zorrillo y zorro), registrando **592 focos en 21 países** de América, Asia y Europa, principalmente durante el brote de H5N1, siendo EUA el que ha reportado la mayor cantidad de focos (333) con 351 casos (animales enfermos), seguido de Finlandia (75 focos) con 14,829 casos, sin embargo, en este país se reportaron 472,061 sacrificados, especialmente en animales para la producción de pieles en explotaciones comerciales; por otro lado, en Argentina y Brasil se observó una gran afectación en mamíferos silvestres por el reporte de casos en lobos marinos en ambos países (**Gráfica 6**).



Gráfica 6. Focos y casos en mamíferos afectados, por continente y por país (enero de 2020 al 10 de julio de 2024).

Distribución de la enfermedad por subtipos virales de IAAP

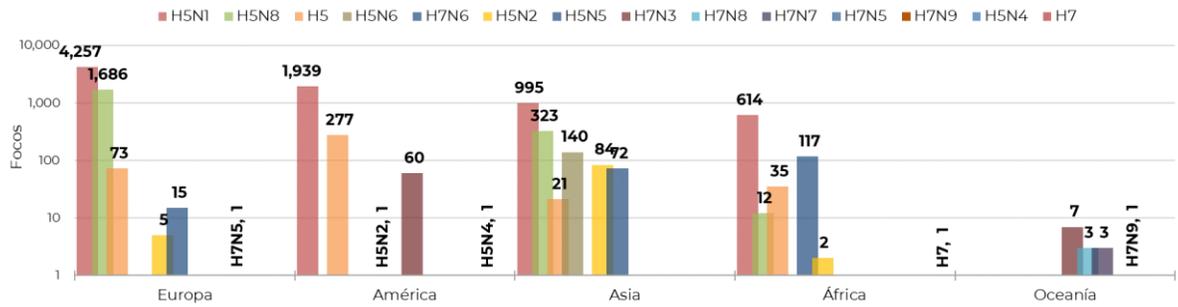
En el periodo observado se han reportado **quince diferentes subtipos de IAAP**. De estos solamente **nueve se han presentado en aves silvestres**, principalmente en el continente europeo (donde se han registrado nueve); asimismo, el 78.61% de los 10,451 focos reportados en aves silvestres han sido por H5N1, que se ha presentado en cinco continentes y el 16.38% por H5N8 que se registró en Europa, Asia y África; el porcentaje restante corresponde a los subtipos H5, H5N5, H5N2, H5N6, H5N3, H5N4 y H7N7 (**Gráfica 7**).



Gráfica 7. Subtipos de IAAP reportados por continente en aves silvestres (enero de 2020 al 10 de julio de 2024).

*Chungungo (*Lontra felina*); huillín (*Lontra provocax*); marta (*Martes martes*); mustélido (*Mustelidae*); pekán (*Pekania pennanti*); tanuki (*Nyctereutes procyonoides*) y turón (*Mustela putorius*).

En los **10,766 focos** identificados en **aves domésticas** desde enero de 2020 en los cinco continentes, se señalaron **14 subtipos virales en 90 países**, siendo en **Europa** donde se ha informado la mayor diversidad, reportando **seis variedades (Gráfica 8)**. Estos eventos, causaron afectaciones por la **muerte y/o sacrificio de 330,534,350 aves**, especialmente en Europa y América; **en el 2020** se presentaron **866 focos**, principalmente por la presencia de H5N8 IAAP (671 focos); durante el **2021** se acumularon 2,795 focos debido a H5N8 IAAP (1,342 focos) y H5N1 (1,290) IAAP, en la mayoría de los casos. Durante el 2022 se presentaron 4,673 focos, de los cuales más del 97.33% se debieron a la presencia de H5N1 de IAAP, así como en 2023, que de los 2,062 reportados en aves domésticas, el 78.52% fue por este subtipo; en lo que va del 2024, la presencia de la enfermedad ha disminuido, sin embargo, de los 370 focos reportados hasta el mes de julio, más del 85% han sido focos por H5N1 (**Tabla 4**).



Gráfica 8. Subtipos de IAAP reportados por continente en aves domésticas (enero de 2020 al 10 de julio de 2024).

Tabla 4. Distribución de los subtipos de IAAP reportados en **aves domésticas** (OMSA, enero de 2020 al 10 de julio de 2024); aves afectadas por continente y países afectados.

Continente	# de países o territorios con brotes	Lista de países y territorios que reportaron brotes	Subtipos IAAP	Aves sacrificadas o muertas
Europa	35	Francia, Polonia, Rusia, Hungría, Reino Unido, Italia, Países Bajos, Alemania, Bulgaria, Suecia, España, Bélgica, República Checa, Dinamarca, Rumania, Portugal, Irlanda, Ucrania, Albania, Croacia, Noruega, Gabón, Lituania, Moldavia, Austria, Eslovaquia, Finlandia, Eslovenia, Chipre, Serbia, Estonia, Luxemburgo, Islas Feroe, Suiza, Islandia.	H5 H5N1 H5N2 H5N5 H5N8	117,275,664
Asia	22	Japón, Corea del Sur, Turquía, Taiwán, Filipinas, Israel, India, Irán, Kuwait, Kazajstán, Iraq, Vietnam, Arabia Saudí, Nepal, Camboya, China, Pakistán, Bután, Laos, Afganistán, Timor-Leste, Indonesia.	H5 H5N1 H5N2 H5N5 H5N6 H5N8	69,273,506
América	14	EUA, México, Canadá, Argentina, Chile, Ecuador, Bolivia, Perú, Colombia, Panamá, Paraguay, Uruguay, Brasil, Venezuela.	H5 H5N1 H5N2 H5N4 H7N3	125,578,085
África	18	Sudáfrica, Nigeria, Malí, Costa de Marfil, Burkina Faso, Guinea, Senegal, Argelia, Níger, Lesoto, Togo, Camerún, Benín, Ghana, Mozambique, Reunión (Francia), Botsuana, Gabón.	H5 H5N1 H5N2 H5N8 H7 H7N6	16,165,895
Oceanía	1	Australia	H7N3 H7N7 H7N9	2,241,200

Histórico de focos acumulados de influenza aviar en el mundo (2014-2024)

De **enero 2014 al 10 de julio de 2024**, se han reportado **29,413 focos** de IA a través de la OMSA, en países de los cinco continentes y el territorio de la Antártica, con más de **454 millones animales afectados**, de las cuales el **99.86% pertenece al grupo de aves domésticas**. Entre 2015 y 2017 se presentó un primer incremento en el número de focos, principalmente por los subtipos H5N2 IAAP en el primer año y H5N8 IAAP en el segundo, aunque también se presentaron en ese periodo, eventos relacionados a otros once subtipos de IAAP y trece de IABP; en total, en estos años se reportaron afectaciones en poco más de 94.3 millones de aves.

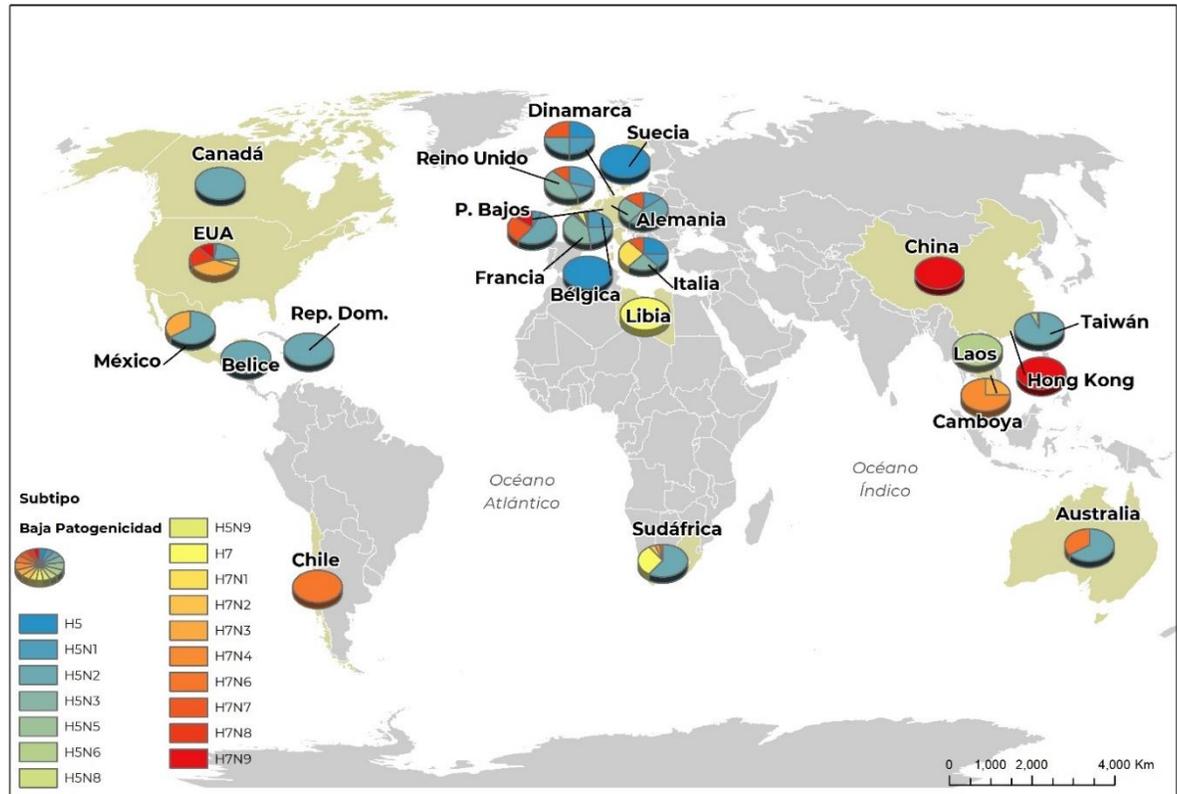
Análisis Estratégico de Riesgos Sanitarios

Por otro lado, en el último bimestre del 2020 se observó un ligero repunte por el subtipo H5N8 IAAP, que se mantuvo elevado durante los primeros cuatro meses del 2021; a finales de ese mismo año, se incrementaron críticamente los eventos, debido en gran parte al aumento de focos del subtipo H5N1 IAAP, así como su distribución a nivel mundial propagándose en varios países de cuatro continentes influenciado principalmente por la migración de aves silvestres; en el 2022 se registró un máximo histórico de 8,347 focos con más de 140.8 millones de aves afectadas en todo el mundo; de la misma manera, en los últimos tres años se presentó un aumento inusual de detecciones de IA en mamíferos, tanto silvestres como domésticos en varias regiones del mundo alcanzando en el 2023 más de 474 mil mamíferos afectados (**Gráfica 9**).

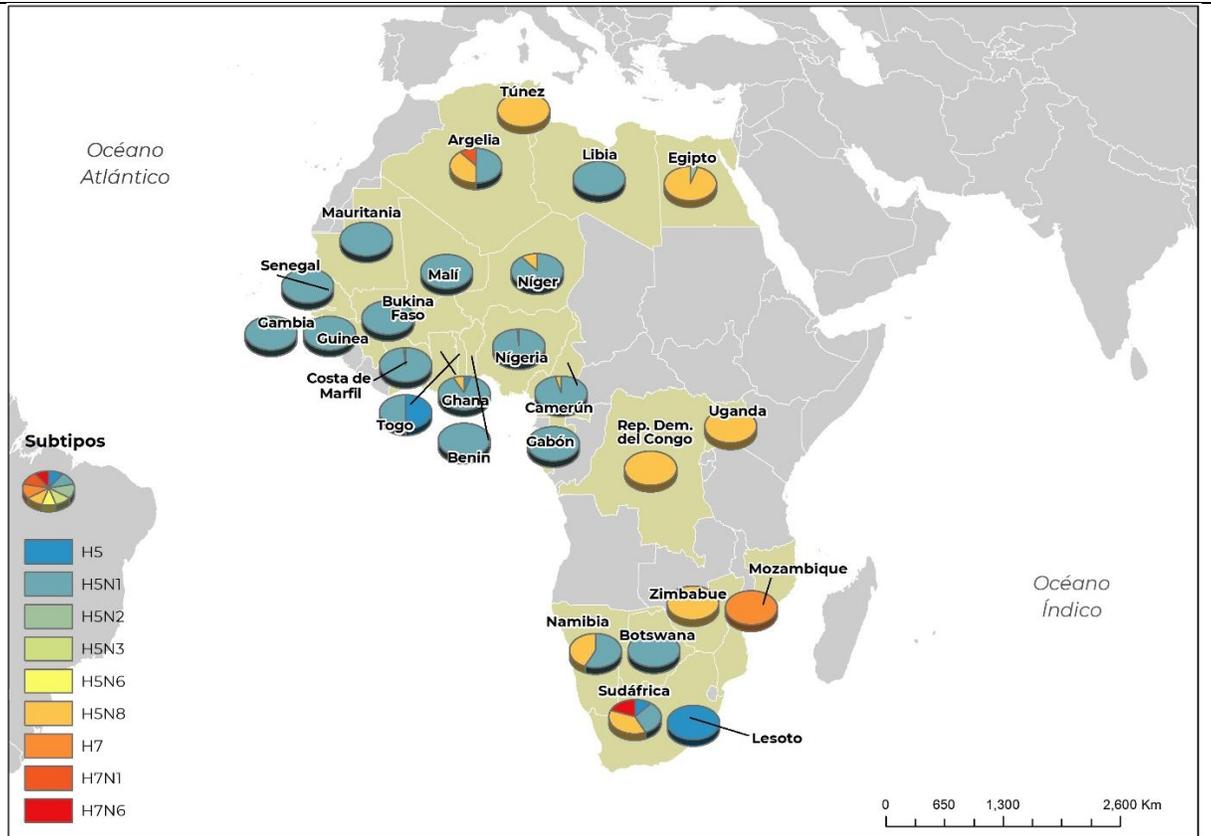


Gráfica 9. Focos y animales afectados por influenza aviar reportados entre enero 2014 y el 10 de julio de 2024.

Durante estos diez años, se han reportado brotes de **37 subtipos diferentes**, **17 corresponden a virus de baja patogenicidad**, de los cuales seis se han detectado en África, ocho en América, seis en Asia, once en Europa y dos en Oceanía (**Mapa 3**); asimismo, se han identificado **17 subtipos de alta patogenicidad**, de los cuales nueve se han presentado en África (**Mapa 4**), cuatro en Oceanía (**Mapa 5**), ocho de Asia (**Mapa 6**), once en Europa (**Mapa 7**), diez en América (**Mapa 8**) y dos en la Antártica (**Mapa 9**) (OMSA, 2024).



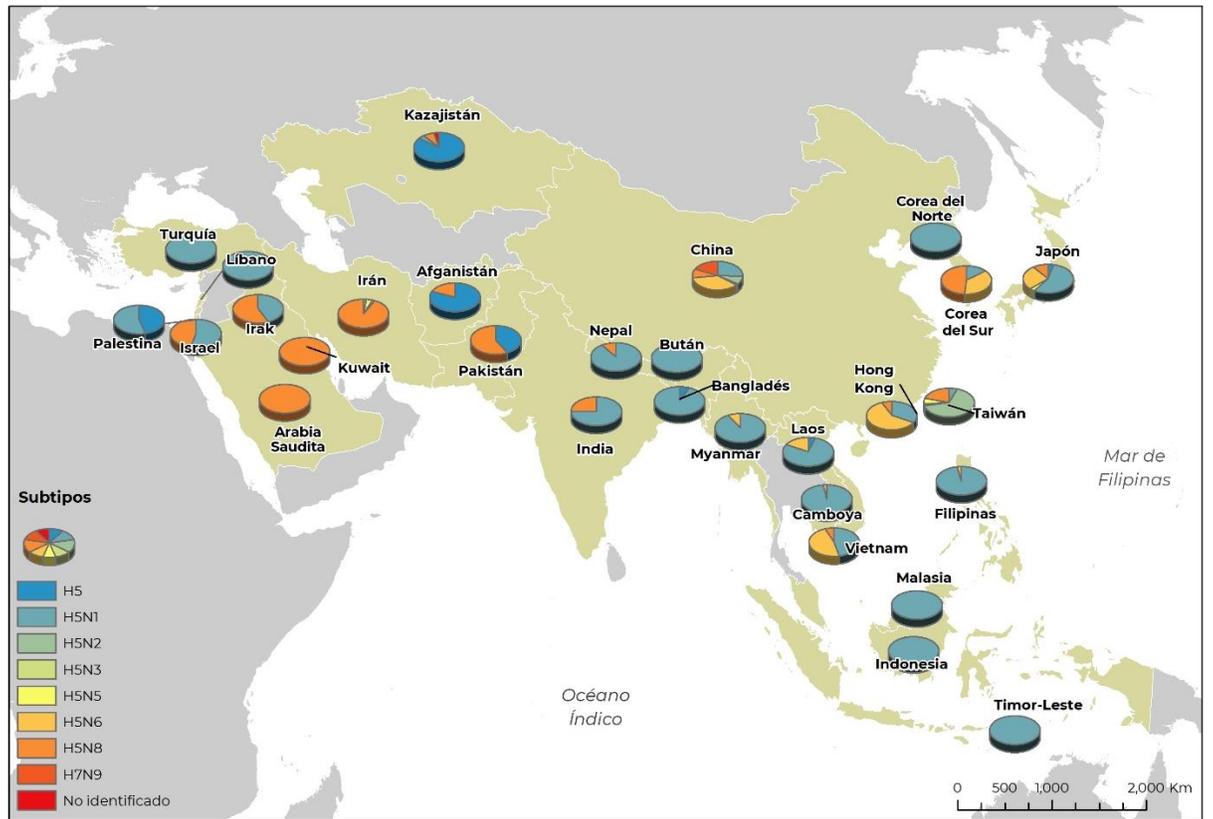
Mapa 3. Subtipos de IABP reportados a nivel mundial de enero 2014 a diciembre de 2021.



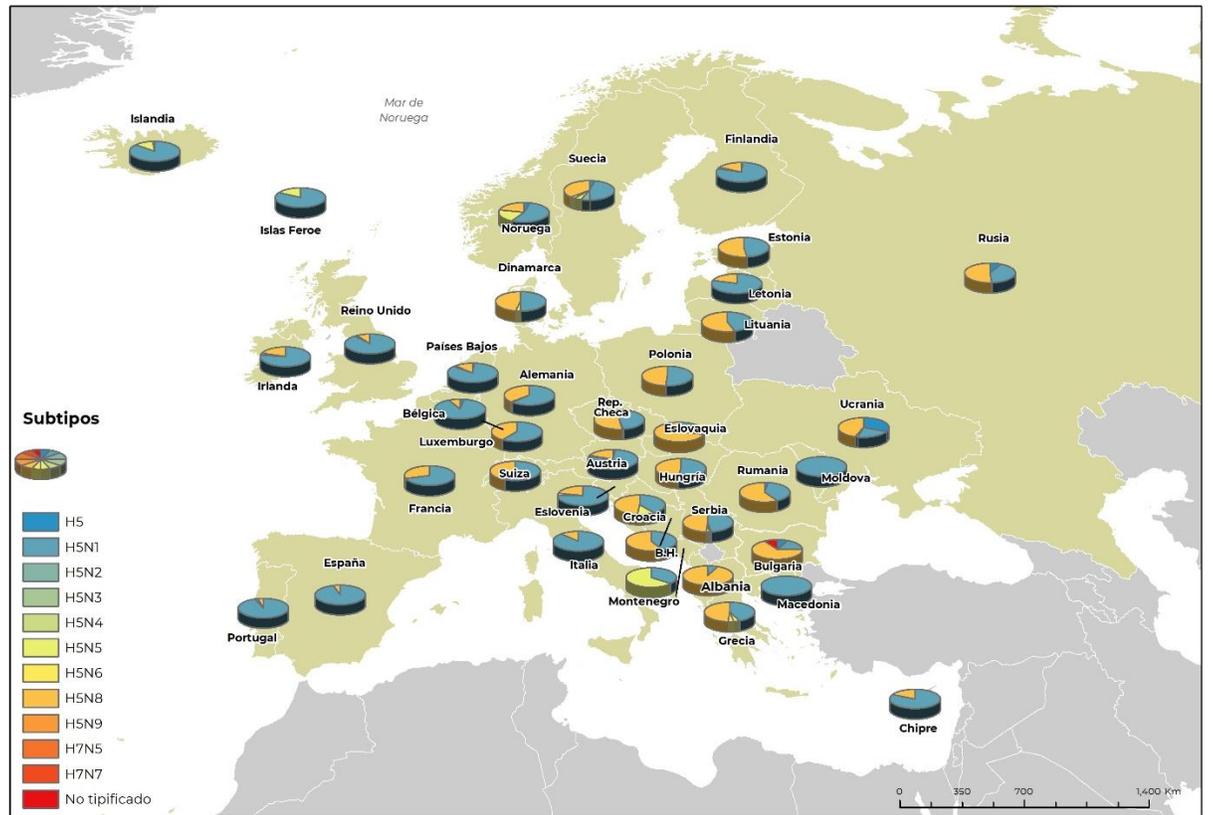
Mapa 4. Subtipos de IAAP reportados en **África** de enero 2014 al 10 de julio de 2024.



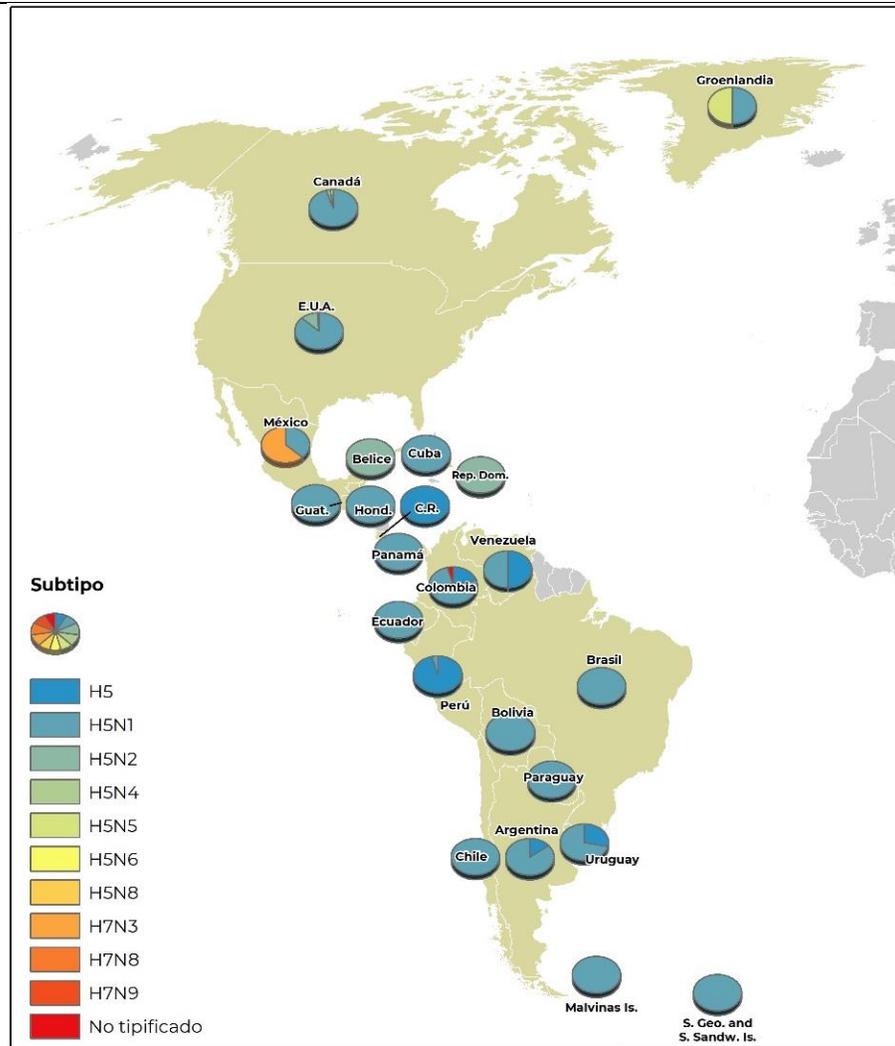
Mapa 5. Subtipos de IAAP reportados en **Oceanía** de enero 2014 al 10 de julio de 2024.



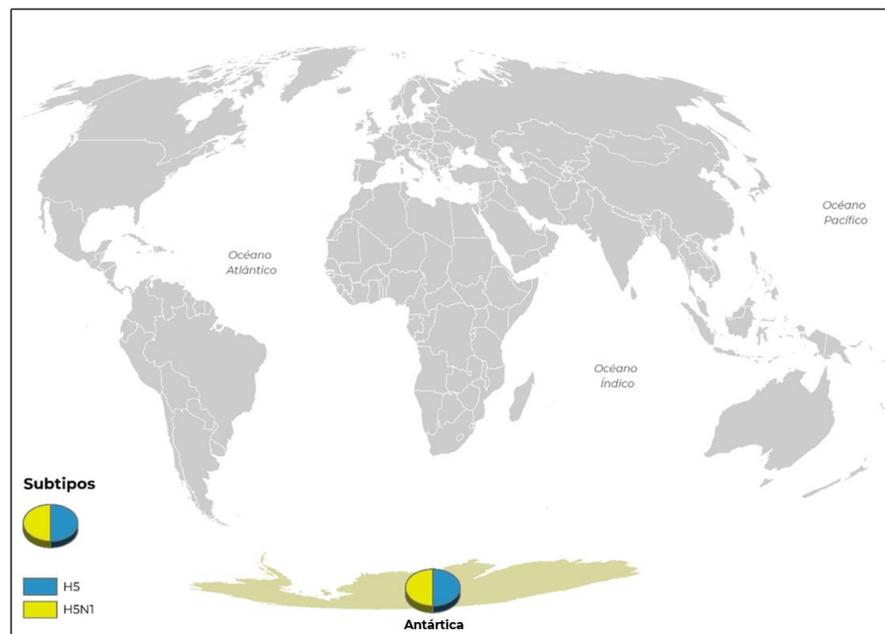
Mapa 6. Subtipos de IAAP reportados en Asia de enero 2014 al 10 de julio de 2024.



Mapa 7. Subtipos de IAAP reportados en Europa de enero 2014 al 10 de julio de 2024.



Mapa 8. Subtipos de IAAP reportados en **América** de enero 2014 al 10 de julio de 2024.

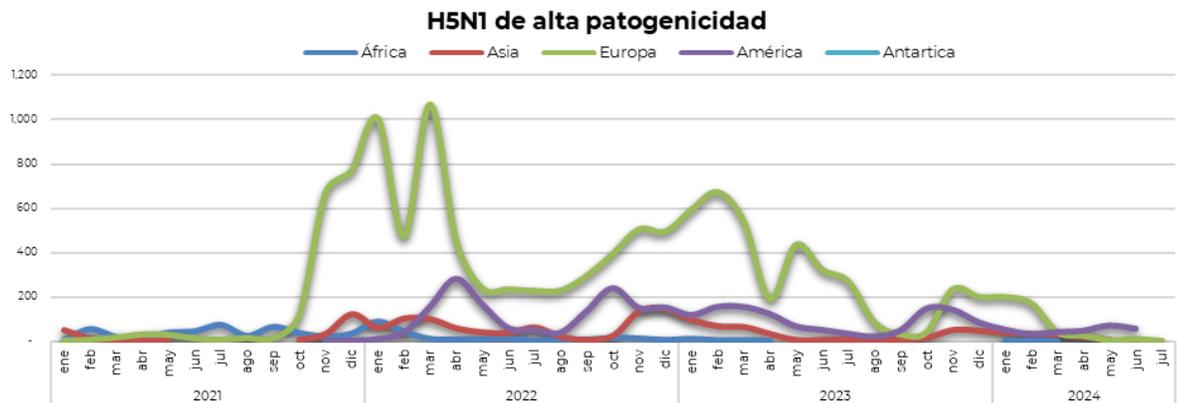


Mapa 9. Subtipos de IAAP reportados en la **Antártica** de enero 2014 al 10 de julio de 2024.

Análisis Estratégico de Riesgos Sanitarios

Situación internacional de IAAP subtipo H5N1

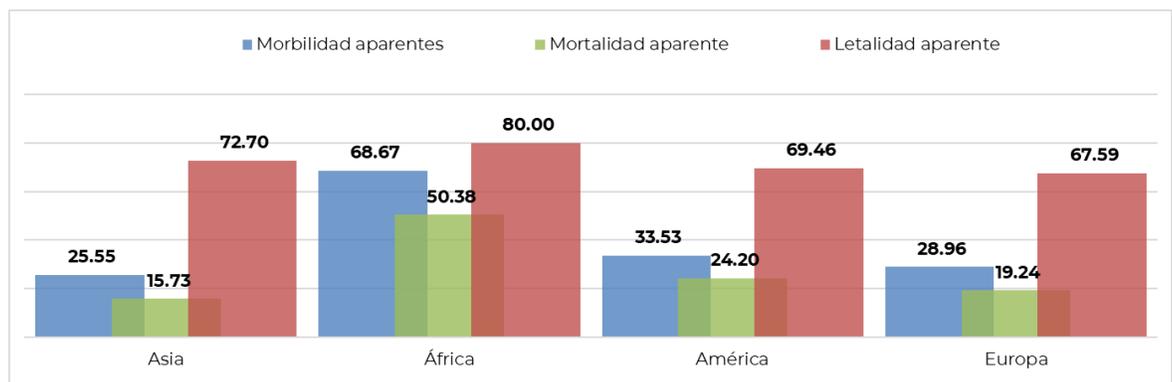
En los últimos tres años y medio, se presentaron una serie de eventos relacionados al **subtipo H5N1 de alta patogenicidad**, que en años previos se reportó en Asia con un promedio de tres focos por mes en todo el continente, no obstante, para el 2021, la presencia de este subtipo aumentó ligeramente en Asia, y empezó a reportarse en África y Europa; para el último trimestre de ese año, la distribución aumentó significativamente en países europeos y posteriormente se presentó por primera vez en países de América del Norte; entre junio y octubre del 2022 se observó un ligero descenso de focos, sin embargo, para finales del año y principios del 2023, hubo un repunte de focos en Europa, Asia y en América debido, en este último caso, a la propagación de la enfermedad a lo largo del continente. Para finales del primer semestre del 2023, se presentó nuevamente la disminución de focos iniciando un ligero repunte entre octubre y noviembre del mismo año, que resaltó principalmente en Europa, el cual se extendió hasta marzo del 2024; en este mismo año, el brote de este subtipo llegó a territorios de la Antártica donde se han reportado eventos en aves silvestres (**Gráfica 10**).



Gráfica 10. Distribución temporal del subtipo H5N1 de alta patogenicidad por continente (enero de 2021 al 10 de julio de 2024).

Este subtipo (H5N1) ha generado pérdidas de **alrededor de 247,037,711 aves domésticas muertas o sacrificadas en 7,772 focos**; se ha presentado en **73 países de cuatro continentes: África, Asia, Europa y América**, este último ha registrado la mayor cantidad de aves domésticas afectadas (**5,656,119 aves muertas y 116,144,765 sacrificadas en 1,938 focos distribuidos en 13 países**), seguido del continente europeo (**5,131,988 aves muertas y 71,724,852 sacrificadas en 4,254 focos de 33 países**).

Las tasas epidemiológicas para el subtipo H5N1 muestran que el porcentaje de animales enfermos (**morbilidad aparente**) y animales muertos (**mortalidad aparente**), referente a los susceptibles, **muestran un promedio entre el 15% y 34% en países de Asia, América y Europa**, sin embargo, en África estos índices se encuentran por encima del 68% y 50% respectivamente. Por otro lado, una gran cantidad de animales reportados enfermos murió a causa del virus (**letalidad aparente**) en la mayoría de los países, principalmente en los de África, donde el promedio fue del **80%**, seguido de Asia con el 72% (**Gráfica 11**).



Gráfica 11. Tasas epidemiológicas para el subtipo H5N1 de alta patogenicidad por continente (enero de 2021 al 10 de julio de 2024).

Brote de influenza aviar H5N1 de alta patogenicidad en América

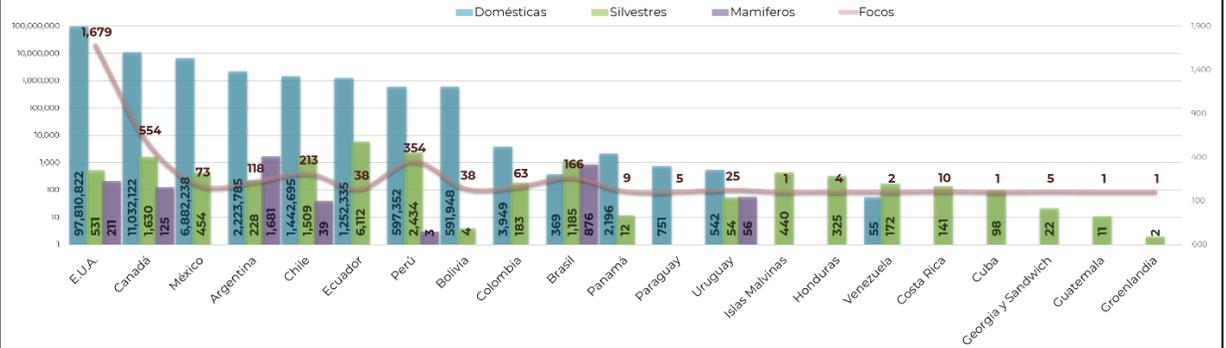
La introducción del subtipo de influenza aviar H5N1 de alta patogenicidad en América se notificó ante la OMSA, a partir del 26 de noviembre de 2021, en un evento en Canadá, en la Península de Avalon, en la provincia de “Newfoundland and Labrador”, en una granja de exhibición con 419 aves de diferentes especies (pollos, pavos, emús, gansos, patos, gallinas de Guinea y pavos reales), así como distintas especies de mamíferos. En el evento se reportaron 340 aves enfermas de las cuales 325 murieron. En la investigación epidemiológica se detectó que el virus es consistente con las cepas de IAAP del subtipo H5, con un segmento del gen HA del linaje A/Goose/Guangdong/1996 (Gs/GD); asimismo, el análisis filogénico indicó que este virus corresponde al linaje eurasiático que circuló en 2021. Posteriormente, el 14 de enero de 2022, el Servicio de Inspección de Sanidad Animal y Vegetal del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (APHIS-USDA), confirmó la presencia de IAAP H5, de la misma variedad que en Canadá, a través de una muestra colectada el 30 de diciembre de 2021, en un silbón americano (*Anas americana*) capturado por un cazador en el condado de Colleton, Carolina del Sur.

Durante gran parte del 2022 este brote se mantuvo aislado en Norteamérica incluyendo un reporte en Groenlandia, en el mes de marzo; sin embargo, a finales de ese año, esta enfermedad comenzó a propagarse a lo largo del continente americano debido a la migración de aves silvestres, registrando, hasta el 10 de julio de 2024, eventos en **dieciocho países** más: **México y Colombia a partir de octubre del 2022**, sumándose **Venezuela, Perú y Ecuador en el mes de noviembre; Honduras, Panamá y Chile en diciembre; Costa Rica, Guatemala y Bolivia en enero de 2023**, aunque en el caso del primero solo se reportó como IA H5 de alta patogenicidad; **en febrero** se identificó en **Cuba, Argentina y Uruguay**, este último también tiene eventos identificados solo como IA H5 de alta patogenicidad; **Paraguay y Brasil** presentaron por primera vez la enfermedad a principios de **mayo** y en octubre se reportaron los primeros eventos en **Islas Malvinas y en Georgia del Sur e Islas Sándwich del Sur (Gráfica 12)**.



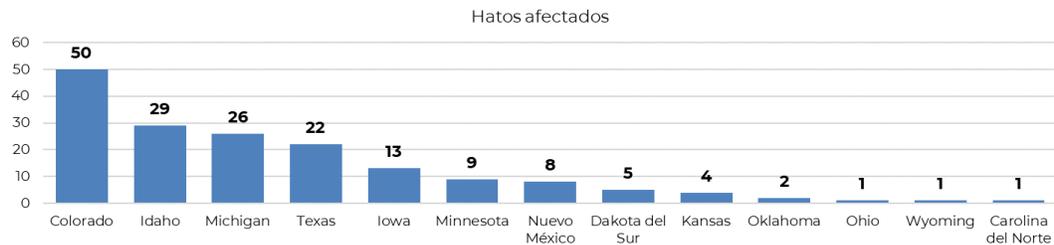
Gráfica 12. Cronología de los focos y aves afectadas por IAAP H5N1, en América (noviembre de 2021 al 10 de julio de 2024).

A partir de la introducción de la enfermedad al continente, se han **reportado 3,360 focos de H5N1 o H5 de alta patogenicidad**, en países donde la subtificación de la neuraminidasa quedó pendiente. Del total de focos, el **66.92% fueron en aves domésticas**, el **20.71% en aves silvestres** y un **13.36% se han identificado en mamíferos**, principalmente silvestres; así mismo, el **49.95% de los focos se han presentado en E.U.A.**, seguido de **Canadá con el 16.49%**; estos países a su vez han resultado ser los más afectados ya que se han notificado 97.8 millones de aves muertas o sacrificadas en el primero y 11.03 millones de aves en el segundo; en total, este brote ha resultado en la afectación de más de 121.8 millones de aves, en todo el continente (**Gráfica 13**).



Gráfica 13. Número de focos y animales afectados por H5N1 de alta patogenicidad en América, por país (noviembre de 2021 al 10 de julio de 2024).

En este sentido, el 25 de marzo de 2024, el APHIS-USDA, notificó por primera vez un brote en varios estados de influenza aviar H5N1 de alta patogenicidad en **vacas lecheras de E.U.A.**, siendo esta la primera vez que se detecta influenza aviar H5N1 en ganado bovino; hasta la fecha, se han confirmado **171 rebaños lecheros afectados en 13 estados (Gráfica 14)**; aunado a algunos de estos brotes en hatos lecheros, se identificaron casos de gatos domésticos que se alimentaban de leche de vaca que enfermaron al poco tiempo y de los cuales el 50% murió en un lapso corto, de acuerdo con reportes de la OMSA, se relacionan por lo menos once focos en gatos domésticos de estas condiciones con focos en explotación comercial de bovinos en Texas, Nuevo México, Ohio, Michigan y Minnesota.

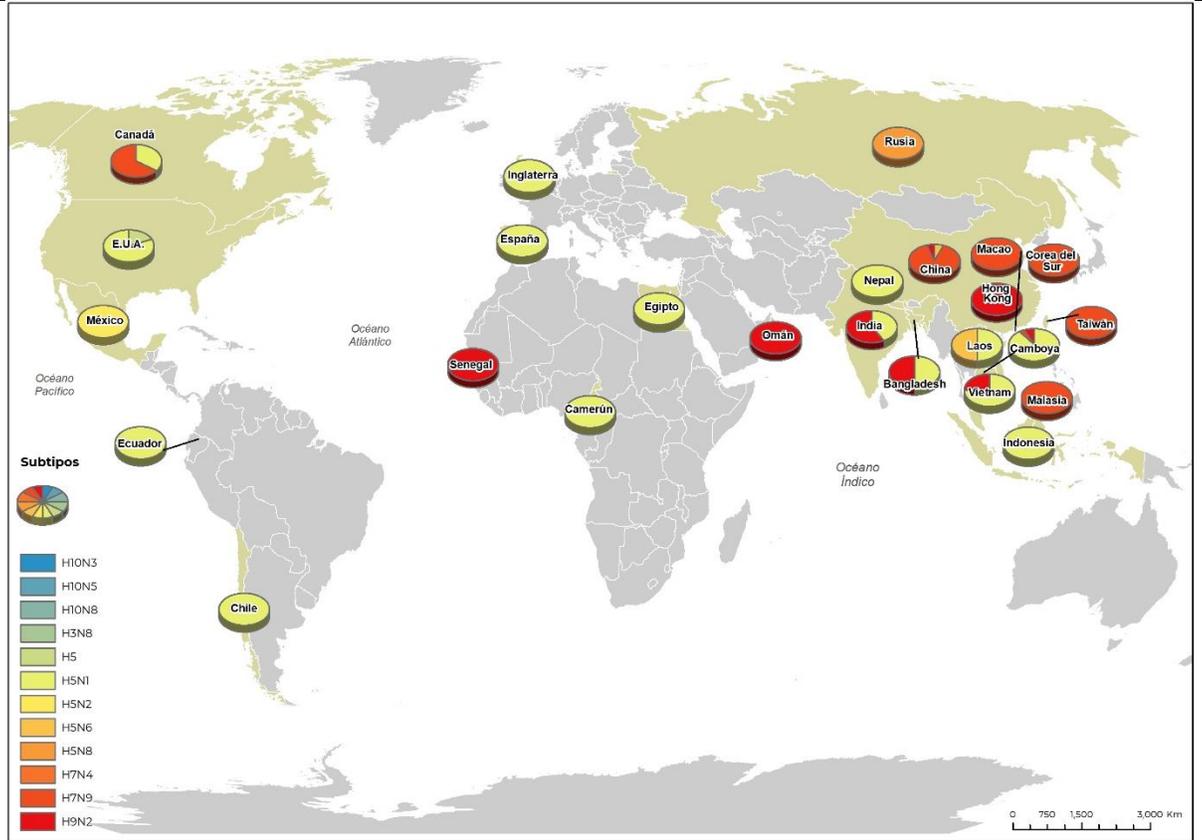


Gráfica 14. Número de hatos de bovinos por estado afectados por H5N1 de alta patogenicidad en E.U.A. (01 enero al 10 de julio de 2024).

Situación mundial de la influenza aviar en humanos

En lo relacionado con aspectos de salud pública, **entre el 01 de enero al 19 de julio de 2024**, se presentaron **34 nuevos casos** de influenza aviar en humanos, de los cuales **11 se reportaron en China** donde se detectaron los subtipos H9N2 (6 casos), H5N6 (3 casos), H5N1 (1 caso) y uno reportado de H10N5; **los otros 23 casos** se presentaron por los subtipos **H5N1**, siete en Camboya, uno en Vietnam, uno en Australia y cuatro en E.U.A., en este último también se reportaron seis casos más por **H5**; del subtipo **H9N2** se reportaron tres focos en India, Vietnam y en Hong Kong, además de un caso por **H5N2** en México (CHP, 2024; WHO, 2024). En la mayoría de los casos reportados, la causa del contagio a los humanos está relacionado con el contacto estrecho con aves enfermas o ambientes muy contaminados, sin embargo, durante este periodo, cuatro de los casos reportados en E.U.A., están asociados a brotes de IA en ganado bovino, en los estados de Colorado, Texas y Michigan.

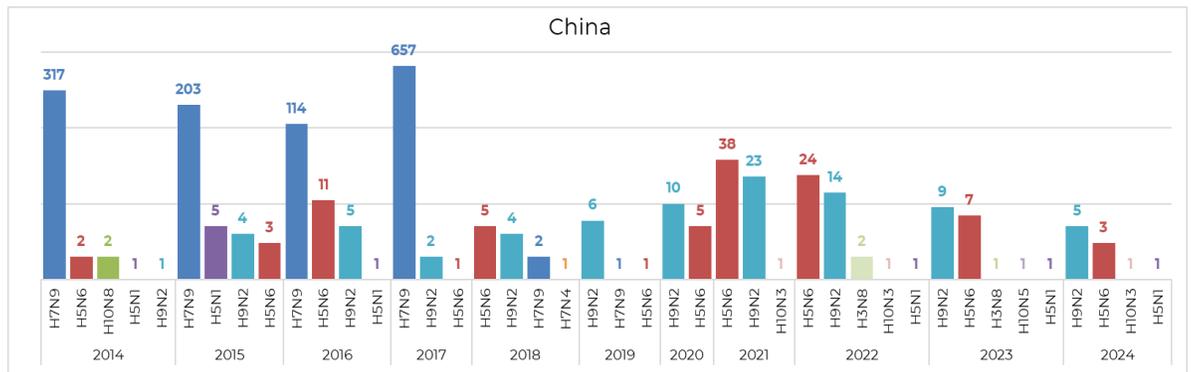
Entre enero de 2014 y el 19 de julio de 2024, se ha registrado **1,721 casos** de por lo menos, **12 subtipos** diferentes (**H7N9, H5N1, H5N6, H9N2, H5N8, H5, H3N8, H10N3, H10N8, H7N4, H10N5, H5N2**) reportados en **26 países** (China, Egipto, Camboya, E.U.A., Rusia, Indonesia, India, Reino Unido, Vietnam, Camerún, Canadá, Laos, Hong Kong, España, Taiwán, Bangladesh, Australia, Malasia, Corea del Sur, Senegal, México, Ecuador, Omán, Chile, Macao y Nepal) (**Mapa 10**) (CHP, 2024).



Mapa 10. Diagnósticos de subtipos de IA reportados en **humanos** de enero 2014 al 19 de julio de 2024 (CHP, 2024; WHO, 2024).

China es el país con mayor número de casos (1,497, que representan el 87.09% de los reportados en los últimos diez años), ocasionados por **ocho subtipos** diferentes, principalmente del **subtipo H7N9**, del cual se han identificado 1,294 casos (1,291 fueron entre 2014 y 2017), seguido del subtipo H5N6 (100 casos) y el subtipo H9N2 (83 casos) (**Gráfica 15**).

En el resto de los países, se han registrado casos provocados por **siete subtipos** distintos, de los cuales, la mayor cantidad han sido **H5N1 IAAP** (188), **H9N2 IABP** (12) y **H7N9 IAAP** (8) (**Gráfica 16**).



Gráfica 15. Casos de IA en humanos reportados en **China** por subtipo y por año (CHP, 2024; WHO, 2024).



Gráfico 16. Casos de IA en humanos reportados en otros países por subtipo y por año (CHP, 2024; WHO, 2024).

Entre el 2014 y el 2017, se observó una fuerte actividad por los reportes de IA en humanos del subtipo H7N9 en países asiáticos, principalmente en China, cuyo brote se venía presentando desde el mes de febrero de 2013, en las ciudades de Shanghái y Anhui, expandiéndose por lo menos a otras 13 provincias donde, de acuerdo con reportes de la FAO, entre 2013 y 2021 se reportaron en total 1,568 casos confirmados, de los cuales 616 murieron.

Asimismo, entre 2014 y 2016, el subtipo H5N1 tuvo una importante presencia en Egipto y algunos países de Asia; entre 2018 y 2020 estos reportes disminuyeron reportándose casos esporádicos de H7N9, H5N1 y H9N2, hasta que en 2021 se registraron un total de 73 casos principalmente en China por los subtipos H5N6 y H9N2 y siete casos en Rusia por H5N8, asociados a contacto por actividades de despoblación de aves durante un brote de este subtipo; en 2022, se identificaron el 66% de los casos reportados el año inmediato anterior, tendencia que continuó a la baja para el 2023, año en el que se reportaron 31 casos, asimismo, entre estos dos años los subtipos que prevalecían en China seguían siendo H5N6 y H9N2, sin embargo, también empezaron a identificarse focos aislados de H5N1 en diferentes países, asociados generalmente a brotes de IAAP de este subtipo en aves domésticas, lo cual aumentó en 2024 principalmente en E.U.A., que durante el primer semestre ha reportado 10 casos asociados a brotes de H5N1 de alta patogenicidad. Del mismo modo, se notificaron casos asociados a los subtipos H3N8 y H10N3, los cuales no se habían registrado en humanos anteriormente.

Conclusiones

- Entre **enero de 2020 al 10 de julio de 2024** se registraron **21,812 focos en 106 países**, que se han presentado en **939 eventos**, de los cuales, al corte quedan 89 activos en 47 países; asimismo, se reportaron más **de 331.1 millones de animales afectados** (muertos o sacrificados) entre aves domésticas (99.81%), aves silvestres y mamíferos (0.19%); por otro lado, alrededor del 93.25% de los focos reportados entre 2022 y 2024 se deben al subtipo **H5N1 de alta patogenicidad**, los cuales se distribuyeron en 91 países de cuatro continentes (África, Asia, América y Europa) y la Antártica.
- Europa** ha sido el continente más afectado por los brotes de influenza aviar de alta patogenicidad, que se ha distribuido en **40 países** y han sido **afectadas más de 117.8 millones de aves domésticas** por cinco subtipos diferentes, principalmente H5N1.
- Los **países más afectados** en el periodo de enero 2020 al 10 de julio de 2024 son **EUA, Japón, Francia, Corea del Sur y Polonia**, en los que se han **muerto o sacrificado más de 195.2 millones de aves domésticas**; tan solo en E.U.A., se han reportado más de 97.8 millones de este tipo de aves afectadas; las pérdidas en estos cuatro países han sido por eventos relacionados principalmente con los subtipos H5N1 de alta patogenicidad.
- A partir del mes de octubre del 2021, se incrementaron drásticamente los reportes del **subtipo H5N1 de alta patogenicidad**, sobre todo en Europa; a partir de **diciembre de 2021**, este subtipo **ingresó a América**, donde se han reportado **más de 3,442 focos distribuidos en 21 países**, hasta el 10 de julio de 2024.
- El **subtipo H5N1** alcanzó un máximo de **968 focos** en aves domésticas en el mes de marzo de 2022, acumulando entre 2021 al 10 de julio de 2024, un total de **7,772 focos** distribuidos en **74 países**, **afectando a poco más de 227 millones de aves**, de las cuales **233.4 millones han sido sacrificadas**.
- Entre el 2020 y 2024, se reportaron de forma más frecuente **eventos de influenza aviar relacionados con mamíferos**, contabilizando un total de **592 focos**, en su mayoría de H5N1, en

Análisis Estratégico de Riesgos Sanitarios

21 países (**Alemania, Argentina, Bélgica, Brasil, Canadá, Chile, Corea del Sur, Dinamarca, E.U.A., Estonia, Finlandia, Francia, Irlanda, Italia, Japón, Letonia, Noruega, Perú, Reino Unido, Rusia y Uruguay**), donde se ha detectado el virus en animales silvestres, domésticos y en cautiverio, siendo entre los animales silvestres, el lobo marino el más afectado sobre todo en países sudamericanos; en el caso de animales en cautiverio, las especies naturalmente silvestres utilizadas para producción de pieles como el zorro polar, visón americano y el tanuki han reportado grandes pérdidas por sacrificios en explotaciones comerciales; respecto a mamíferos domésticos, se informó sobre la presencia del virus en bovinos en estados de E.U.A. así como algunos casos de gatos infectados, asociados a estos focos.

7. En **salud pública, los casos de influenza aviar en humanos, el subtipo H5N1** mostró un aumento en la presencia tanto en el número de casos reportados por este subtipo como en su presencia a nivel mundial en humanos, ya que, entre los años 2017 y 2021 se habrían reportado en promedio 1 foco por año, principalmente en países asiáticos, sin embargo, con la diseminación de este subtipo a nivel mundial, de enero de 2022 a la fecha, se han reportado **36 casos distribuidos en diversas partes del mundo**, tanto en países europeos como en países de América. Así mismo, en el 2024 se reportaron por primera vez casos en humanos infectados a través del contacto directo con ganado lechero afectado por un brote de influenza aviar.
8. Algunas investigaciones plantean que la **transmisión de la IAAP H5N1 al ganado bovino**, se debió a que las aves silvestres pueden propagar el virus a través del contacto directo o la contaminación de fuentes de agua o de los comederos utilizados por el ganado lechero u otros animales como los zorrillos; consecuentemente, se enfermaron otros bovinos del rebaño e incluso entre rebaños, cuando vacas infectadas de Texas fueron trasladadas a una granja con vacas sanas en Ohio y a otros estados, e incluso se reportaron trabajadores y felinos domésticos en las granjas lecheras, que pudieron contraer el virus a través del contacto directo con el ganado infectado o después de consumir calostro crudo y leche de ganado infectado.
9. Debido a **reordenamientos genéticos y adaptaciones del virus IAAP H5N1**, del clado 2.3.4.4b, 37 nuevas especies de mamíferos se han visto afectadas desde 2021, además de que desde enero de 2022 se han registrado casos humanos, e incluso se ha visto que este virus afecta al ganado con un cuadro clínico relacionado con una caída repentina en la producción de leche. Sin embargo, la evolución de este clado, junto con muchos otros, se documenta desde la aparición del linaje Goose/Guangdong de 1996 después de repetidas olas intercontinentales y eventos de recombinación con los virus locales de la influenza aviar; en el 2008, se documentó la diversificación de la hemaglutinina, ya que la recombinación dio lugar a diez clados genéticos de H5N1, incluido el subclado 2.3.4 HA que posee diferentes genes de neuraminidasa (N2, N5, N6, N8). El clado H5N1 2.3.4.4b surgió a partir de los virus H5N8 relacionados con la epidemia intercontinental que se registró entre 2016 y 2017 periodo en el que se propagó el clado H5N8 2.3.4.4b, a través de la migración de aves silvestres; posteriormente, este clado volvió a modificarse a través de una recombinación a finales de 2020 en Europa con un gen N1 NA, a lo que le siguió una diseminación geográfica en Europa, África y Asia Oriental, llegando a América a partir del 2021.
10. Dentro de las investigaciones sobre el virus de IA H5N1, se reportan cuatro mutaciones genéticas asociadas con la transmisión entre especies: JA-Q226L, relacionadas con el aumento de la unión a los receptores de mamíferos (clado 2.3.4.4b del H5N1); PB2-E627K sobre la replicación mejorada en células de mamíferos (H5N1, H7N9); JA-N182K de la especificidad de unión al receptor alterada (H5N1); PB2-D701N relativo a la actividad de la polimerasa mejorada (H7N9). En este sentido, un caso humano reciente con contacto directo con ganado lechero infectado reveló que uno de estos cambios genético (PB2 E627 K), está asociado con la adaptación viral a hospederos mamíferos, y que se ha detectado anteriormente en personas y otros mamíferos infectados con el virus HPAI A(H5N1), así como otros subtipos de influenza aviar (por ejemplo, H7N9), pero sin evidencia de propagación entre personas. La presencia de estas mutaciones de aminoácidos plantea preocupaciones legítimas con respecto al potencial de transmisión entre especies a humanos y otros mamíferos, sin embargo, no hay sustituciones de aminoácidos en las secuencias de ganado estudiadas que indiquen una selección para una mejor replicación o transmisión entre mamíferos en comparación con las secuencias en otros mamíferos infectados con este clado. Esta observación sugiere que el **riesgo general actual para la salud humana es relativamente bajo**, sin embargo, es imperativo reconocer que los virus de la influenza tienen la capacidad de evolucionar rápidamente dentro de sus entornos hospedadores después de la infección. Esto subraya la naturaleza dinámica de los virus de la influenza y la importancia de la vigilancia y seguimiento continuo en el monitoreo de las amenazas potenciales para la salud humana.

Referencias

1. APHIS-USDA, 2024. Servicio de Inspección de Sanidad Animal y Vegetal. Departamento de Agricultura de Estados Unidos. Casos confirmados de IAAP en ganado. <https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/hpai-confirmed-cases-livestock>
2. Burrough, E. R., Magstadt, D. R., Petersen, B., Timmermans, S. J., Gauger, P. C., Zhang, J., Main, R. (2024). Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus Infection in Domestic Dairy Cattle and Cats, United States, 2024. *Emerging Infectious Diseases*, 30(7), 1335-1343. <https://doi.org/10.3201/eid3007.240508>.
3. Bludot, 2024. Global outlook of influenza - like illnesses. What is the status of surveillance, vaccination, and evolution surrounding influenza A(H5N1) outbreaks in the United States?. *ILI Pulse*, Issue 32 June06,2024. www.bluedot.gobal
4. CDC, 2024. Centros para el Control y Prevención de Enfermedades. Influenza aviar H5: situación actual. <https://espanol.cdc.gov/bird-flu/situation-summary/index.html>
5. CDC, 2024. Centros para el Control y Prevención de Enfermedades. Situación actual de la influenza aviar H5N1 en vacas lecheras. <https://espanol.cdc.gov/bird-flu/situation-summary/mammals.html#:~:text=El%2025%20de%20marzo%20de,influenza%20aviar%20en%20ganado%20vacuno>
6. CHP, 2024. Centro para la Protección de la salud de Hong Kong. Reporte de Influenza Aviar. <https://www.chp.gov.hk/en/resources/29/332.html>
7. FAO, 2024. The Food and Agriculture Organization (FAO). Actualización de la situación del virus de la influenza aviar A(H7N9). Última actualización (1 de diciembre de 2021). [https://www.fao.org/animal-health/situation-updates/avian-influenza-A\(H7N9\)-virus/en](https://www.fao.org/animal-health/situation-updates/avian-influenza-A(H7N9)-virus/en)
8. FluTrackers, 2024. Foro de seguimiento de Enfermedades Infecciosas. En línea <https://flutrackers.com/forum/>
9. Hu, X., Saxena, A., Magstadt, D. R., Gauger, P. C., Burrough, E. R., Zhang, J., Li, G. (2024). Genomic characterization of highly pathogenic avian influenza A H5N1 virus newly emerged in dairy cattle. *Emerging Microbes & Infections*, 13(1). <https://doi.org/10.1080/22221751.2024.2380421>
10. Mohanty, A., Mini, M., Zaawari, A., Banerjee, A., Bage, R. N., & Jha, T. (2024). From avian to human: understanding the cross-species transmission and the global spread of highly pathogenic avian influenza. *The Evidence*, 2(2). <https://doi.org/10.61505/evidence.2024.2.2.76>
11. OMSA, 2024. Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA-WAHIS)/ Situación de la enfermedad. En línea: <https://wahis.woah.org/#/dashboards/country-or-disease-dashboard>
12. OMSA, 2024 Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA-WAHIS)/ Eventos zoonosarios. En línea <https://wahis.woah.org/#/event-management>
13. WHO, 2024. World Health Organization. Priority disease surveillance, Avian influenza. En línea: <https://www.who.int/westernpacific/emergencies/surveillance/avian-influenza>