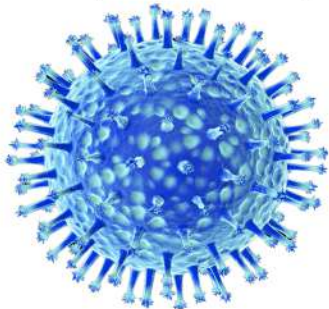


## Brotos por Influenza Aviar A(H5N1)

La Organización Mundial de Salud Animal (OMSA), ha informado que la Influenza aviar de alta patogenicidad (IAAP), continúa propagándose durante la temporada epidémica en aves de corral, aves silvestres y mamíferos, principalmente en las Regiones de Europa, América y Asia.

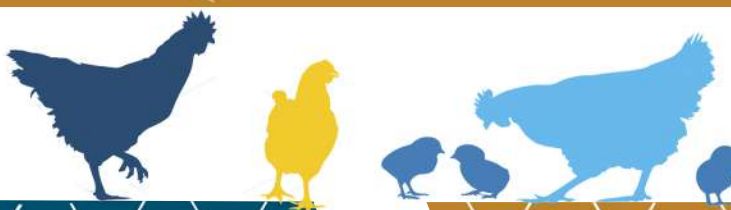


En el presente periodo epidémico, se ha observado que el subtipo A(H5N1) es el más predominante, lo cual ha resultado en una preocupante cantidad de aves silvestres fallecidas y un incremento en el número de casos en mamíferos, tanto terrestres (incluyendo animales de compañía) como acuáticos [1].

La situación actual, ha generado una creciente preocupación sobre la amenaza que representa la enfermedad de la influenza aviar para la salud pública en general. Es importante destacar, que cuando los virus de la influenza aviar circulan entre las aves de corral, existe el riesgo potencial de que aparezcan infecciones esporádicas en humanos, debido a la exposición a aves infectadas o entornos contaminados.



Desde el año 2003 hasta el 24 de abril de 2023, la Organización Mundial de la Salud (OMS) ha registrado un total de 874 casos de infección por influenza A(H5N1) en seres humanos, con 458 fallecimientos (una tasa de letalidad del 52%) en 23 países de todo el mundo. Esta información subraya la necesidad de abordar y controlar de manera efectiva la propagación de la enfermedad para salvaguardar la salud de la población. [2].



# ¿Qué pasa en América Latina?

La detección de brotes de IAAP en 15 países de América Latina y el Caribe es una situación nunca registrada. Los brotes identificados se ubican principalmente en las áreas de la ruta migratoria del Pacífico (Figura 1). Hasta la fecha y desde la introducción de influenza aviar A(H5N1) en las Américas en 2014, se han registrado tres infecciones humanas causadas por influenza aviar A(H5N1): La primera en los Estados Unidos de América, notificada el 29 de abril de 2022 [3]; la segunda en Ecuador, la cual fue notificada el 9 de enero de 2023 [4]; y la tercera en Chile, la cual fue notificada el 29 de marzo de 2023 [5].

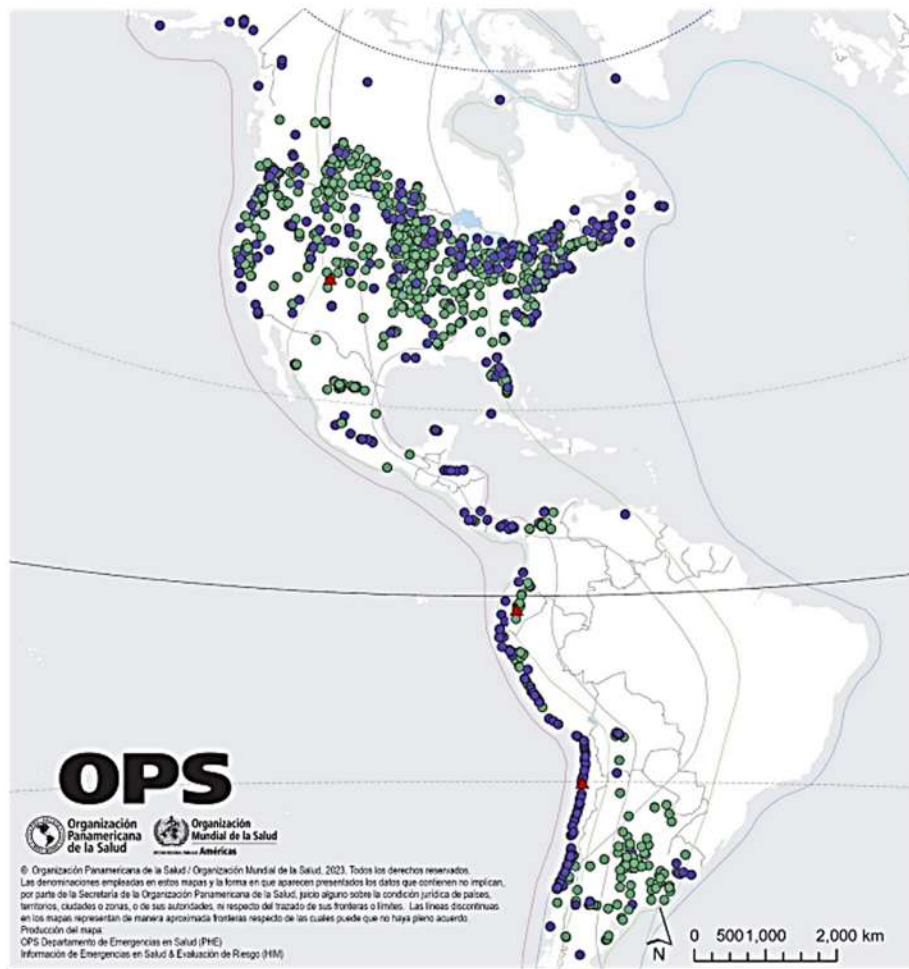


Figura 1. Brotes de influenza aviar y principales rutas migratorias de aves silvestres. Región de las Américas, hasta la SE 18 del 2023. Extraído el 10 de marzo de 2023 por la OPS [1].

- Brote de influenza aviar**  
Noviembre 2021 a marzo 2023
- Aves de corral o animales domésticos
  - Animal salvaje
  - ▲ Caso humano

- Ruta migratoria principal**
- Mississippi
  - Pacífico
  - Atlántico occidental
  - Atlántico este

# ¿Qué pasa en América Latina?

La dinámica epidemiológica observada en la diseminación de casos por las distintas rutas migratorias de aves silvestres no solo se observa para el subtipo A(H5N1), si no que también para otros subtipos tanto IAAP como IABP (virus de influenza aviar de baja patogenicidad). ..Es claro el aumento en la diversidad genética del virus de la influenza A que circula en las distintas poblaciones de aves (Figura 2).

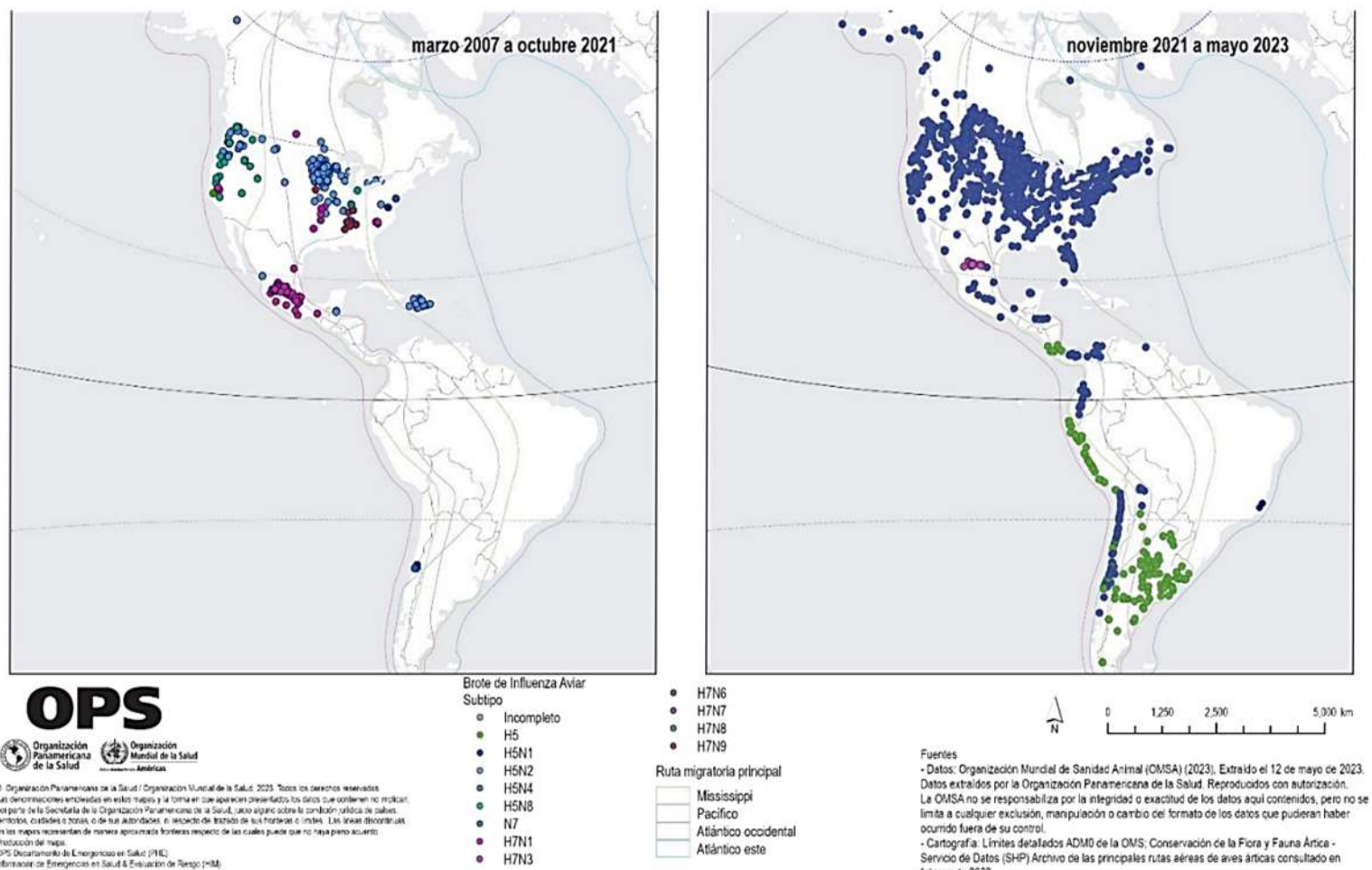


Figura 2. Brotes de influenza aviar y principales rutas migratorias de aves silvestres. Región de las Américas, 2007-2021, 2021-2023. Extraído el 12 de mayo de 2023 por la OPS [1].

# Aportaciones ITRASIG

Nuestro departamento de vigilancia genómica epidemiológica, integra las necesidades globales hacia un enfoque nacional, dirigiendo sin fines de lucro nuestras investigaciones a instituciones de salud pública y otros interesados; con la finalidad de que se tomen decisiones de manera temprana y así brindar una respuesta oportuna. Contamos con las herramientas de biología molecular y bioinformática, como lo es la minería de datos, para desarrollar nuevas tecnologías que permitan una vigilancia activa de patógenos con potencial epidemiológico. Actualmente trabajamos directamente con enfermedades emergentes de prioridad e impacto en salud pública, así como emergencias sanitarias como lo es la reciente detección del Virus de la Influenza Aviar A(H5N1).

La vigilancia genómica del virus influenza A/H5 humano: Desde el inicio de 2020, los virus influenza A/H5 notificados a la OMS detectados infectando seres humanos son del grupo genético 2.3.4.4b. (Figura 3). Las secuencias de virus de estos casos humanos, cuando estaban disponibles, no mostraron marcadores de adaptación en mamíferos ni de resistencia a antivirales, incluso el oseltamivir (inhibidores de la neuroaminidasa) y baloxavir (inhibidores de la endonucleasa) [6]. Sin embargo, el virus de Influenza AH5N1 presenta otra serie de mutaciones que de igual forma pueden representar un reto para el uso adecuado de tratamientos, las mutaciones más importantes son: R136K, D179G, S227N, H254Y, E258Q y N275S.

Debido a la naturaleza de constante evolución de los virus de la influenza, la OPS/OMS. sigue resaltando la importancia del fortalecimiento de la vigilancia de la infección respiratoria aguda grave (IRAG), y la vigilancia del síndrome gripal (ETI), para detectar cambios virológicos, epidemiológicos y clínicos asociados con los virus de la influenza circulantes y que pueden afectar la salud humana.

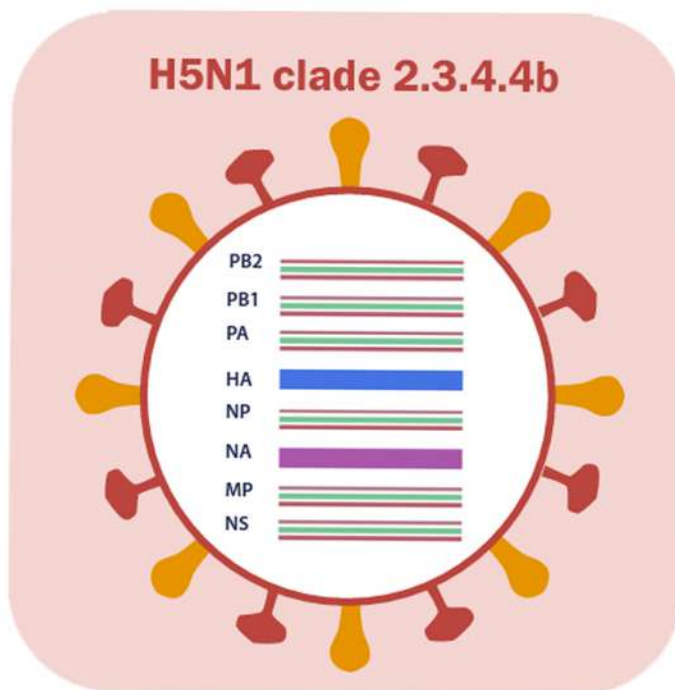
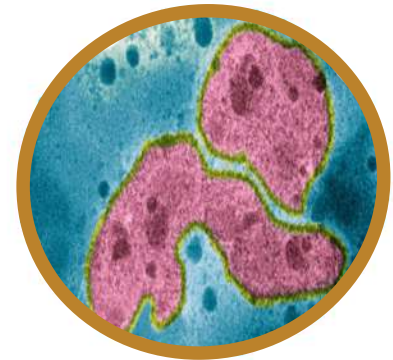


Figura 3. Representación ilustrativa del clado 2.3.4.4b del virus Influenza A(H5N1). Disponible en: <https://www.cdc.gov/flu/avianflu/inhumans.htm>

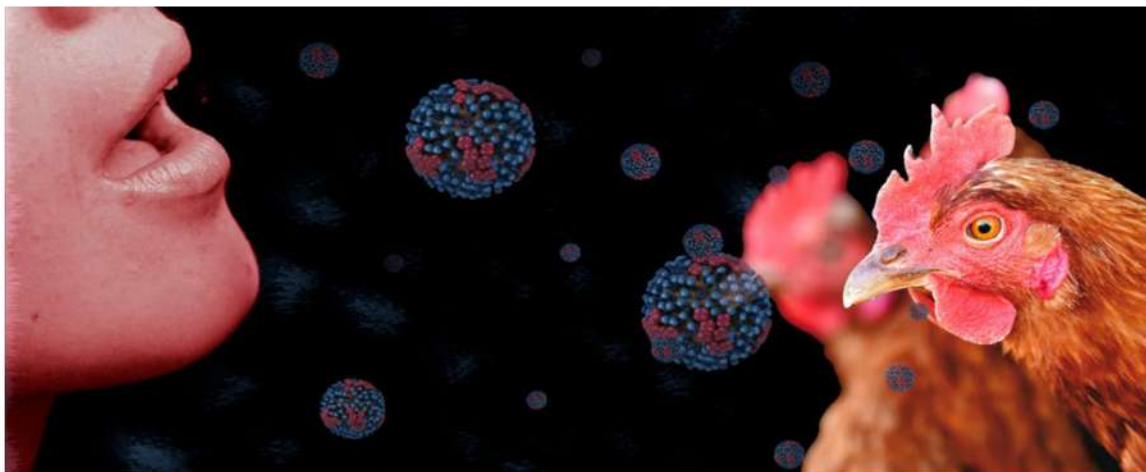
# Aportaciones ITRASIG

Con base en lo anterior, en ITRASIG hemos desarrollado un sistema de detección molecular para influenza aviar A(H5N1) así como A(H7N3), que también es considerado un subtipo IAAP. Dicho desarrollo contempla, además de una amplia diversidad de grupos genéticos descritos previamente como IAAP, secuencias correspondientes del clado 2.3.4.4b que se ha convertido en el predominante en los brotes de todo el mundo. El sistema de detección se basa en la detección de la hemaglutinina H5, la neuraminidasa N1, a partir de RNA, por medio de RT-qPCR.



# Conclusiones

Un sistema de vigilancia efectivo, permite detectar de manera temprana la presencia del virus en aves de corral y en la población humana expuesta. Esto permite una respuesta rápida y adecuada para contener la propagación de la enfermedad y minimizar su impacto en la salud pública. El sistema de vigilancia proporciona información continua sobre la evolución del virus. Esto incluye la detección de nuevas variantes y mutaciones, así como la identificación de posibles cambios en su virulencia o capacidad de transmisión entre aves y humanos. Esta información es crucial para adaptar y mejorar las medidas de control y preparación. El virus A(H5N1) tiene el potencial de causar una pandemia si adquiere la capacidad de transmitirse eficientemente entre humanos. Un sistema de vigilancia robusto, ayuda a identificar cualquier cambio en la transmisibilidad del virus y permite tomar medidas oportunas para prevenir una posible propagación masiva y reducir el riesgo de una pandemia.





## Investigador Byron Galindo Ornelas

Biólogo egresado de la Universidad Nacional Autónoma de México, FES Iztacala. La obtención del título de licenciatura la realizó en el Laboratorio de Arbovirus y Virus Hemorrágicos del Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos en donde realizó estudios de genotipificación de los cuatro serotipos del Virus Dengue en la República Mexicana.

Actualmente forma parte del personal científico de ITRASIG, donde lleva a cabo la vigilancia genómica de enfermedades emergentes. Además, participa activamente en el desarrollo de herramientas para la atención de enfermedades contagiosas y no contagiosas de importancia social, aportando opiniones fundamentales en la ciencia y aterrizadas dentro de las necesidades epidemiológicas del país.

## Referencias

1. Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA). Influenza Aviar. Disponible en: <https://bit.ly/405P5rc> y <https://bit.ly/3TP12Ob>
2. Organización Mundial de la Salud (OMS). Número acumulado de casos humanos confirmados de gripe aviar A(H5N1) notificados a la OMS, 2003-2023, 24 de abril de 2023. Disponible en: <https://bit.ly/3pFPTFX>
3. OMS. Influenza aviar A (H5N1) - Estados Unidos de América. 6 mayo de 2022. Disponible en: <https://bit.ly/3YKs6k0>
4. Ministerio de Salud Pública de Ecuador. Entidades sanitarias mantienen activa vigilancia ante caso de gripe aviar. Disponible en: <https://bit.ly/3GAjcyM>
5. Ministerio de Salud de Chile. MINSAL informa primer caso humano de gripe aviar en Chile. 29 de marzo de 2023. Disponible en: <https://bit.ly/3o0ETCE>
6. OMS. Evaluación del riesgo asociado a los virus recientes de la gripe A(H5N1) del clado 2.3.4.4b. 21 de diciembre de 2022. Disponible en: <https://bit.ly/3QAqcAo>