



Evaluación preliminar conjunta de la FAO/OMS/OMSA sobre los virus recientes de la influenza A(H5N1)

23 de abril del 2024

Antecedentes

Durante el 2020, los virus de la influenza aviar altamente patógena (IAAP) A(H5N1) del clado 2.3.4.4b surgieron a partir de virus de la influenza A(H5Nx) y se propagaron, predominantemente a través de aves migratorias, a muchas partes de África, Asia y Europa. La epizootia ha provocado un número sin precedentes de muertes en aves silvestres y ha causado brotes en aves de corral. A fines del 2021, estos virus llegaron a América del Norte y posteriormente a América del Sur, en octubre del 2022. Además, a escala mundial, cada vez más frecuentemente se han detectado virus A(H5N1) en especies no aviares, tales como mamíferos terrestres y marinos, silvestres y domésticos (de compañía y de granja). Recientemente, se han detectado en cabras y vacas lecheras de Estados Unidos de América. Con algunas excepciones regionales, la mayoría de los virus IAAP A(H5N1) caracterizados genéticamente desde el 2020 pertenecen al clado 2.3.4.4b. Desde principios del 2021, se han notificado a la OMS 28 detecciones de virus A(H5N1) en el ser humano, incluido un caso que estuvo expuesto a ganado bovino lechero presuntamente infectado por un virus A(H5N1). De estos casos humanos, 13 de los que se conoce el clado de hemaglutinina (HA) H5, han sido causados por virus del clado 2.3.4.4b. Esta evaluación de riesgos conjunta de la FAO, la OMS y la OMSA se centra en los virus A(H5N1) caracterizados desde el 2021 y evalúa el riesgo para la salud pública, así como el riesgo de propagación del virus en los animales.

Infecciones en animales

Los virus de la influenza aviar A(H5N1), especialmente los del clado 2.3.4.4b, siguen diversificándose genéticamente y aumentando su propagación geográfica. Desde el 2022, se ha infectado a escala mundial una gama más amplia de especies de aves silvestres, lo que ha tenido consecuencias ecológicas perjudiciales y ha provocado la muerte masiva de algunas especies animales. La situación de los mamíferos silvestres también es preocupante, ya que algunas especies sufren eventos importantes de mortalidad.

Además, la circulación continua en aves silvestres y migratorias y aves de corral ha dado lugar a múltiples incursiones separadas en mamíferos carnívoros y carroñeros silvestres, gatos y perros domésticos, y mamíferos acuáticos en varios países. La propagación de virus del clado 2.3.4.4b de aves a mamíferos en el continente americano y europeo a menudo ha provocado infecciones graves con signos neurológicos en algunos mamíferos.¹ En el 2024, se detectaron virus A(H5N1) en cabras

¹ Rijks JM, Hesselink H, Lollinga P, Wesselman R, Prins P, Weesendorp E et al. Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus in Wild Red Foxes, the Netherlands, 2021. *Emerg Infect Dis.* 2021;27:2960-2.

neonatas que se encontraban en un mismo local compartido con aves de corral y en ganado bovino lechero en Estados Unidos de América.

Estas circunstancias han dado lugar a un aumento de las oportunidades de reagrupamiento genético viral, generando nuevos genotipos con signos clínicos diversos. Por ejemplo, un nuevo virus de la influenza A(H5N1) generado por reagrupamiento genético se detectó en aves de corral en Camboya (desde el 2023), la República Democrática Popular Lao y Viet Nam (desde el 2022), y en los casos humanos notificados en Camboya desde fines del 2023 y en Viet Nam en el 2024. Este virus contiene las proteínas de superficie del clado 2.3.2.1c que ha circulado localmente, pero con genes internos de un virus más reciente del clado 2.3.4.4b.²

Hasta la fecha, los informes de transmisión entre mamíferos han sido limitados, a pesar del aumento de las infecciones. Aunque no se dispone de evidencia directa al respecto, los eventos de alta mortandad de mamíferos marinos y la infección en varias granjas de animales de peletería en Finlandia³ y de visones en España⁴ provocados por el virus A(H5N1) son consistentes con la propagación mamífero a mamífero en estos casos.

Desde marzo del 2024 al 23 de abril del 2024, se han notificado detecciones de A(H5N1) en 33 rebaños lecheros en ocho estados de Estados Unidos de América.⁵ Si bien, según la información disponible, la propagación inicial del virus tuvo probablemente su origen en aves silvestres, algunos rebaños afectados posteriormente recibieron vacas procedentes de otros rebaños afectados. La evidencia actual obtenida en Estados Unidos de América indica que es probable que se haya producido una transmisión horizontal en el ganado vacuno. Por el momento, se siguen investigando las vías, los modos de transmisión y la duración de la excreción viral en bovinos.⁶ Se han detectado altas concentraciones de virus en la leche de vacas infectadas, a niveles superiores a los observados en muestras de vías respiratorias. Actualmente se están investigando las implicancias de esto en la transmisión, así como el papel de la pasteurización en la inactivación del virus. La transmisión del virus a través de fómites contaminados o por medios mecánicos son otras posibles vías que se están investigando.⁷

² Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO) en Viet Nam (5 de abril del 2024). Stay vigilant with Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1). Disponible en <https://www.fao.org/vietnam/news/detail-events/ru/c/1680337/>.

³ Lindh E, Lounela H, Ikonen N, Kantala T, Savolainen-Kopra C, Kauppinen A et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection on multiple fur farms in the South and Central Ostrobothnia regions of Finland, julio del 2023. *Euro Surveill.* 2023;28(31):pii=2300400.

⁴ Agüero M, Monne I, Sánchez A, Zecchin B, Fusaro A, Ruano M et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection in farmed minks, España, octubre del 2022. *Euro Surveill.* 2023;28(3):pii=2300001.

⁵ Servicio de Inspección Sanitaria de Animales y Plantas, Departamento de Agricultura y Ganadería de Estados Unidos. Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) Detections in Livestock. Disponible en <https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/livestock>.

⁶ Servicio de Inspección Sanitaria de Animales y Plantas, Departamento de Agricultura y Ganadería de Estados Unidos (16 de abril del 2024). Detection of Highly Pathogenic Avian Influenza (H5N1) in dairy Herds: Frequently asked questions. Disponible en <https://www.aphis.usda.gov/sites/default/files/hpai-dairy-faqs.pdf>.

⁷ Servicio de Inspección Sanitaria de Animales y Plantas, Departamento de Agricultura y Ganadería de Estados Unidos (12 de abril del 2024). APHIS Recommendations for Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) H5N1 Virus in Livestock For State Animal Health Officials, Accredited Veterinarians and Producers. Disponible en <https://www.aphis.usda.gov/sites/default/files/recommendations-hpai-livestock.pdf>.

Se han recibido informes que indican que el virus A(H5N1) se ha propagado desde instalaciones de ganado vacuno lechero a instalaciones avícolas cercanas, aunque por el momento se desconocen las vías de transmisión exactas.⁸ En la actualidad, también se desconoce la frecuencia de transmisión del ganado vacuno a las aves. Las aves de corral siguen estando en peligro por la continua circulación y propagación de virus A(H5N1) procedentes de aves silvestres. Se ha detectado el virus A(H5N1) en gatos encontrados muertos en algunos de los rebaños bovinos lecheros afectados o cerca de ellos, y se ha comprobado que se trataba del mismo virus A(H5N1) detectado en el ganado.⁹

En el seguimiento y el tamizaje periódicos de las secuencias virales se encontraron pocas secuencias con marcadores de adaptación a los mamíferos. Al 20 de abril del 2024, no hay secuencias de virus procedentes de ganado bovino lechero de Estados Unidos de América que tengan marcadores bien reconocidos de adaptación a los mamíferos. En otros mamíferos en los que se han detectado marcadores de adaptación a los mamíferos, la mayoría de las veces se han asociado a cambios en las proteínas polimerasas y a la infección de mamíferos. Es probable que estas mutaciones se produjeran rápidamente tras la transmisión al hospedador mamífero y en la actualidad no hay evidencia de su posterior transmisión. Es necesario realizar un seguimiento continuo para determinar si estos cambios siguen produciéndose o se acumulan con el tiempo. Las secuencias disponibles de virus A(H5N1) del clado 2.3.4.4b procedentes de hospedadores aviares y mamíferos indican que son raros los marcadores asociados a una susceptibilidad reducida a los inhibidores de la neuraminidasa o la endonucleasa.

Según estudios llevados a cabo en animales, en hurones no se ha producido la transmisión de virus A(H5N1), aunque algunos virus provocaron una enfermedad grave en hurones infectados.^{10,11} Algunos estudios más recientes de virus del clado 2.3.4.4b han mostrado cierta transmisión entre hurones por contacto directo, pero no por vía aérea.¹² El análisis de los datos de secuencias disponibles sugiere que estos virus son principalmente virus aviares y no se han observado cambios en el tropismo de unión a receptores del virus que aumenten la unión a receptores en las vías respiratorias altas humanas, lo cual podría incrementar la transmisión hacia y entre personas.

Detecciones en el ser humano

Desde principios del 2021, se han notificado a la OMS 28 detecciones de A(H5N1) en seres humanos. De aquellas en las que se conoce el clado HA (24 casos), 13 se han asociado a virus del clado 2.3.4.4b. Estos casos se han notificado en China (uno en el 2022 y otro en el 2023), Chile (uno en el 2023),

⁸ Servicio de Inspección Sanitaria de Animales y Plantas, Departamento de Agricultura y Ganadería de Estados Unidos (16 de abril del 2024). Detection of Highly Pathogenic Avian Influenza (H5N1) in dairy Herds: Frequently asked questions. Disponible en <https://www.aphis.usda.gov/sites/default/files/hpai-dairy-faqs.pdf>.

⁹ Hu X, Saxena A, Magstadt DR, Gauger PC, Burrough E, Zhang J et al. Highly Pathogenic Avian Influenza A (H5N1) clade 2.3.4.4b Virus detected in dairy cattle *bioRxiv* 2024.04.16.588916.

¹⁰ Kandeil, A., Patton, C., Jones, J.C. *et al.* Rapid evolution of A(H5N1) influenza viruses after intercontinental spread to North America. *Nat Commun* **14**, 3082 (2023).

¹¹ Pulit-Penaloza JA, Belser JA, Brock N, Thakur PB, Tumpey TM, Maines TR. Pathogenesis and Transmissibility of North American Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus in Ferrets. *Emerg Infect Dis.* 2022;28:1913-5.

¹² Pulit-Penaloza JA, Brock N, Belser JA, Sun X, Pappas C, Kieran TJ, Thakur PB, Zeng H, Cui D, Frederick J, Fasce R, Tumpey TM, Maines TR. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus of clade 2.3.4.4b isolated from a human case in Chile causes fatal disease and transmits between co-housed ferrets. *Emerg Microbes Infect.* 2024 Mar 17:2332667.

Ecuador (uno en el 2022), España (dos en el 2022), Estados Unidos de América (uno en el 2022 y otro en el 2024) y Reino Unido de Gran Bretaña e Irlanda del Norte (uno en el 2021 y cuatro en el 2023).

Todos los casos humanos de infección por virus A(H5N1) notificados en Europa y América del Norte fueron asintomáticos o leves. En el caso detectado en Estados Unidos de América en el 2022 se observó fatiga tras la exposición a aves de corral infectadas y, en el caso detectado en el 2024, conjuntivitis tras la exposición a ganado lechero presuntamente infectado por el virus A(H5N1).¹³ Las detecciones asintomáticas pueden corresponder a una contaminación de las vías respiratorias o a una infección. Uno de los casos detectados en China tuvo un desenlace mortal, mientras que el otro fue hospitalizado por una neumonía grave. Los casos de Chile y Ecuador presentaron síntomas graves y se recuperaron. Todos los casos humanos, excepto el de Chile, estuvieron expuestos a animales infectados, bien por haber participado en actividades de respuesta al brote, bien por exposición directa a animales infectados en granjas, terrenos privados o mercados de aves vivas. La vía más plausible de transmisión del caso notificado en Chile fue la exposición ambiental, dado el gran número de aves silvestres y mamíferos marinos que se encontraron muertos en una zona cercana a la residencia del paciente.¹⁴

Es probable que las diferencias en la evolución de la enfermedad de los pacientes con infección por el virus H5N1 se deban a diversos factores, como el genotipo del virus, la carga viral en el material infeccioso al que estuvieron expuestos, el estado de salud subyacente, la duración de la exposición, el equipo de protección personal utilizado en el momento de la exposición y la vía de transmisión.

Desde febrero del 2023, se han notificado 11 infecciones humanas por virus de la influenza aviar altamente patógena A(H5N1) en Camboya; dos de ellas estaban relacionadas epidemiológicamente (miembros de una misma familia y que tenían una fuente común de exposición al virus en pollos enfermos o muertos). Diez de estos virus pertenecían al clado 2.3.2.1c. En Viet Nam también se notificó una infección humana mortal por un virus A(H5N1) del clado 2.3.2.1c en el 2024. Todos los casos notificados en Camboya tuvieron una exposición a aves de corral infectadas o enfermas y el caso notificado de Viet Nam estuvo expuesto a aves silvestres.¹⁵

Características de los virus en los casos humanos de infección por A(H5N1)

Las secuencias virales disponibles de los casos humanos no han mostrado marcadores de susceptibilidad reducida a los inhibidores de la neuraminidasa (medicamentos antivirales como el oseltamivir) o a los inhibidores de la endonucleasa (como el baloxavir). Las secuencias de los virus 2.3.4.4b del caso humano de Chile del 2023 y del caso humano de Estados Unidos de América del 2024 tenían marcadores asociados a la adaptación a mamíferos en el segmento génico PB2. Esta observación en el segmento génico PB2 también se dio en las secuencias de los virus 2.3.2.1c de cuatro

¹³ Organización Mundial de la Salud (9 de abril del 2024). Noticias sobre brotes de enfermedades. Influenza aviar A(H5N1) - Estados Unidos de América. Disponible en <https://www.who.int/es/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON512>.

¹⁴ Organización Mundial de la Salud (21 de abril del 2023). Noticias sobre brotes de enfermedades. Infección humana por el virus de la influenza aviar A(H5N1) - Chile. Disponible en <https://www.who.int/es/emergencies/disease-outbreak-news/item/2023-DON461>.

¹⁵ Organización Mundial de la Salud (2 de abril del 2024). Noticias sobre brotes de enfermedades. Influenza aviar A (H5N1) - Viet Nam. Disponible en <https://www.who.int/es/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON511>.

casos notificados en Camboya, en octubre y noviembre del 2023, y en el reciente caso de Viet Nam del 2024. El virus de Chile tenía dos sustituciones (PB2-D701N y PB2-Q591K),¹⁶ mientras que el virus de Estados Unidos de América tenía una sola sustitución (PB2-E627K).¹⁷ Los virus aislados de los casos humanos detectados en Camboya y Viet Nam también presentan la sustitución PB2-E627K.

Sobre la base de la información limitada disponible sobre la seroprevalencia de otros subtipos y clados del virus A(H5), cabe prever que la inmunidad de la población humana frente a los virus de los clados de HA H5 2.3.4.4b y 2.3.2.1c sea mínima; se prevé que haya inmunidad en la población humana dirigida a la neuraminidasa N1, aunque el impacto de esta inmunidad está relativamente mal definido.

Virus candidatos para vacunas

El Sistema Mundial de Vigilancia y Respuesta a la Gripe de la OMS, en colaboración con los asociados de sanidad animal (FAO, OMSA y otros), evalúa los virus candidatos para vacunas con fines de preparación para pandemias tanto bianualmente como en casos específicos. La lista de virus candidatos para vacunas contra la influenza zoonótica disponibles, incluidos los virus A(H5N1) y los reactivos para las pruebas de potencia, está actualizada en el [en inglés]. La caracterización genética y antigénica periódica de los virus gripales zoonóticos contemporáneos está disponible [aquí](#) [en inglés].

Evaluación del riesgo actual que suponen los virus de la influenza A(H5N1) para el ser humano

1. ¿Cuál es el riesgo mundial para la salud pública de que se produzcan nuevos casos de infección humana por virus de la influenza aviar A(H5N1)?

A pesar del elevado número de brotes y detecciones de virus A(H5N1) del clado 2.3.4.4b en animales, y de la exposición humana al virus en la interfaz entre personas, animales y medioambiente, hasta la fecha se han notificado relativamente pocas infecciones humanas.

Los 28 casos de detección del virus A(H5N1) en el ser humano notificados desde principios del 2021 fueron, en todos los casos, infecciones esporádicas en personas expuestas a virus A(H5N1) por contacto directo o indirecto con aves infectadas, mamíferos infectados o entornos contaminados, como mercados de aves de corral vivas u otros locales con animales infectados. Entre estos casos, no se ha notificado ninguna transmisión interpersonal.

En la medida en que se sigan detectando virus en animales y entornos relacionados, incluida la leche, se prevé que se produzcan nuevos casos humanos esporádicos en personas expuestas. La

¹⁶ Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de Estados Unidos (17 de abril del 2023). Infección en seres humanos por el virus A(H5N1) de la influenza aviar altamente patógena en Chile. Disponible en <https://espanol.cdc.gov/flu/avianflu/spotlights/2022-2023/chile-first-case-h5n1-addendum.htm>.

¹⁷ Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de Estados Unidos (2 de abril del 2024). Actualización técnica: Análisis del resumen de las secuencias genéticas de los virus de influenza aviar A(H5N1) altamente patógenos en Texas. Disponible en <https://espanol.cdc.gov/flu/avianflu/spotlights/2023-2024/h5n1-analysis-texas.htm>.

búsqueda activa de casos en torno a los casos humanos notificados ha sido constante y debe continuar para determinar si hay transmisión entre personas.

Las personas con actividades que impliquen la exposición a animales infectados o entornos contaminados corren un mayor riesgo y deben tomar las precauciones necesarias para prevenir la infección.¹⁸

Actualmente, basándose en la información disponible, la OMS considera que el riesgo general para la salud pública que plantea el virus A(H5N1) es bajo y que, para las personas expuestas a aves o animales infectados o a entornos contaminados, el riesgo de infección se considera bajo o moderado. Este riesgo requiere un seguimiento estricto, y la OMS y sus asociados seguirán evaluando y publicando periódicamente evaluaciones del riesgo para la salud pública de la influenza aviar.

2. ¿Cuál es la probabilidad de transmisión de virus de la influenza A(H5N1) del ganado vacuno al ser humano?

Se han dado casos humanos tras la exposición a mamíferos con infección por influenza aviar en el caso de otros subtipos de influenza A, como A(H7N2)¹⁹ y A(H7N7),²⁰ pero solo en unas pocas personas. Hasta la fecha, se ha notificado un caso de infección por virus de la influenza A(H5N1) en Estados Unidos de América en una persona que trabajaba en una granja lechera donde se presumía que el ganado vacuno estaba infectado por virus A(H5N1). Este caso presentó conjuntivitis como único síntoma y se recuperó posteriormente.

Se ha informado que la leche de vacas en lactancia infectadas presenta una carga viral elevada, por lo que podrían ser una fuente de exposición para las personas en contacto estrecho con ellas.²¹ Actualmente se está investigando si es posible la transmisión a través del consumo y la manipulación de leche y productos lácteos, y el potencial de la pasteurización para mitigar el posible riesgo.

Mientras haya personas en contacto con ganado bovino infectado sin el equipo de protección personal adecuado, existe el riesgo de que se produzcan infecciones humanas. El riesgo puede mitigarse con medidas para reducir la exposición al virus, como el uso del equipo de protección

¹⁸ Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de Estados Unidos. Virus A(H5N1) de la influenza aviar altamente patógena en animales: Recomendaciones provisionales para la prevención, el monitoreo y las investigaciones de salud pública. Disponible en <https://espanol.cdc.gov/flu/avianflu/hpai/hpai-interim-recommendations.html>.

¹⁹ Belser JA, Pulit-Penaloza JA, Sun X, Brock N, Pappas C, Creager HM et al. A Novel A(H7N2) Influenza Virus Isolated from a Veterinarian Caring for Cats in a New York City Animal Shelter Causes Mild Disease and Transmits Poorly in the Ferret Model. *J Virol*. 2017 Jul 12;91(15):e00672-17.

²⁰ Webster RG, Geraci J, Petursson G, Skirnisson K. Conjunctivitis in human beings caused by influenza A virus of seals. *N Engl J Med*. 1981 Apr 9;304(15):911.

²¹ Servicio de Inspección Sanitaria de Animales y Plantas, Departamento de Agricultura y Ganadería de Estados Unidos (12 de abril del 2024). APHIS Recommendations for Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) H5N1 Virus in Livestock For Workers. Disponible en <https://www.aphis.usda.gov/sites/default/files/recommendations-workers-hpai-livestock.pdf>.

personal recomendado, una higiene personal adecuada y otras medidas de bioseguridad basadas en el riesgo.

3. ¿Cuál es la probabilidad de transmisión interpersonal de virus de la influenza aviar A(H5N1)?

Desde el 2007 no se ha notificado ninguna transmisión interpersonal de virus A(H5N1), aunque puede haber brechas en las investigaciones. Antes del 2007, se notificaron pequeños conglomerados de infecciones por virus A(H5) en el ser humano, algunos de ellos en trabajadores de salud, en los que no pudo descartarse una transmisión limitada de persona a persona. Sin embargo, no se informó sobre una transmisión de persona a persona de forma sostenida.²²

Los virus A(H5N1) detectados en mamíferos, incluyendo los casos humanos, conservan en gran medida las características genómicas y biológicas de los virus de la influenza aviar, y siguen estando bien adaptados para propagarse entre las aves. Excepto en el caso de las mutaciones de aminoácidos en las proteínas polimerasas obtenidas en el hospedador, la evidencia sobre la adaptación a mamíferos y al ser humano sigue siendo limitada, incluso cuando se ha sospechado la transmisión en mamíferos.²³ No se han observado cambios en el tropismo de unión a receptores que aumenten la unión a receptores en las vías respiratorias altas humanas, lo cual podría incrementar la transmisión hacia y entre las personas. Por lo tanto, la transmisión de los virus A(H5N1) que circulan actualmente se considera improbable si no se producen nuevos cambios genéticos en el virus.

La OMS, junto con la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO) y la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA), sigue realizando un seguimiento de estos virus y reevaluará el riesgo asociado a los virus A(H5N1) que se están propagando actualmente, a medida que se disponga de más información.

Los centros colaboradores de la OMS y los laboratorios reguladores esenciales del Sistema Mundial de Vigilancia y Respuesta a la Gripe, en colaboración con colegas del sector veterinario y de sanidad animal, están dando prioridad a caracterización antigénica adicional de los virus A(H5N1), incluyendo en relación con los virus candidatos para vacunas existentes, y al desarrollo de reactivos específicos.

Medidas recomendadas

Dado que estos virus evolucionan y se propagan constantemente en la población animal, y considerando el riesgo aumentado de exposición para los seres humanos, es necesario reevaluar los riesgos de manera continua a medida que evoluciona la situación y se dispone de más información.

²² Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de Estados Unidos. Ejemplos anteriores de probables casos de propagación de persona a persona limitada, no sostenida, de los virus A de la influenza aviar - Influenza aviar (gripe). Disponible en: <https://espanol.cdc.gov/flu/avianflu/h5n1-human-infections.htm>.

²³ Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de Estados Unidos (2 de abril del 2024). Actualización técnica: Análisis del resumen de las secuencias genéticas de los virus de influenza aviar A(H5N1) altamente patógenos en Texas. Disponible en <https://espanol.cdc.gov/flu/avianflu/spotlights/2023-2024/h5n1-analysis-texas.htm>.

La FAO, la OMS y la OMSA seguirán realizando y publicando evaluaciones del riesgo de los virus de la influenza aviar.

Los países deben mantener la vigilancia en las aves, dar seguimiento e investigar los casos en las especies no aviares, incluido el ganado bovino, notificar a la OMSA y a otras organizaciones internacionales los casos de IAAP en todas las especies animales, prevenir la propagación en los animales mediante medidas estrictas de bioseguridad, y proteger a las personas en contacto con animales infectados o con sospecha de infección.²⁴

Se recomienda que los países, especialmente a través de los centros nacionales de influenza y otros laboratorios de influenza asociados al Sistema Mundial de Vigilancia y Respuesta a la Gripe, permanezcan vigilantes ante la posibilidad de infecciones zoonóticas. Se recomienda que las autoridades nacionales evalúen plenamente el riesgo en las personas con exposición ocupacional, utilizando métodos serológicos y de detección activa de casos, y que colaboren con los organismos nacionales para determinar la exposición y el riesgo derivados de la leche y los productos lácteos.

También se debe alertar al personal clínico sobre la posibilidad de una infección zoonótica en pacientes con antecedentes de exposición a aves o animales en zonas donde se sabe que circulan virus de la influenza aviar en animales. Debe haber una vigilancia epidemiológica y virológica sistemáticas, así como un seguimiento de los casos humanos sospechosos y confirmados.

Se sigue recomendando encarecidamente comunicar rápidamente la información y los datos de secuencias procedentes tanto del sector de la salud humana como del de la sanidad animal; esto es fundamental para una evaluación rápida de los riesgos. El envío rápido del material viral a los centros colaboradores de la OMS del Sistema Mundial de Vigilancia y Respuesta a la Gripe es esencial para llevar a cabo una evaluación exhaustiva del riesgo y crear o ajustar medidas de respuesta específicas. La Herramienta para la Evaluación del Riesgo de Pandemia de Influenza (TIPRA, por su sigla en inglés) proporciona una evaluación detallada del riesgo asociado a algunos virus gripales zoonóticos, en particular de la probabilidad de que el virus adquiera una transmisibilidad persona a persona y el impacto en caso de que el virus adquiera dicha transmisibilidad. La herramienta TIPRA proporciona un mapa del riesgo relativo entre los virus evaluados utilizando múltiples elementos.²⁵

Deben aplicarse procedimientos para reducir la exposición humana a aves y mamíferos que puedan estar infectados por virus de la influenza aviar y otros virus de animales, a fin de reducir al mínimo el riesgo de infecciones zoonóticas. Las personas expuestas a animales que puedan estar infectados deben utilizar equipo de protección personal, incluida la protección ocular.²⁶ Si presentan síntomas

²⁴ Organización Mundial de Sanidad Animal. Influenza aviar de alta patogenicidad en el ganado vacuno, 5 de abril del 2024. Disponible en: <https://www.woah.org/es/influenza-aviar-de-alta-patogenicidad-en-el-ganado-vacuno/>.

²⁵ Organización Mundial de la Salud, Tool for influenza pandemic risk assessment. Disponible en [http://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/tool-for-influenza-pandemic-risk-assessment-\(tipra\)](http://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/tool-for-influenza-pandemic-risk-assessment-(tipra)).

²⁶ Servicio de Inspección Sanitaria de Animales y Plantas, Departamento de Agricultura y Ganadería de Estados Unidos (12 de abril del 2024). APHIS Recommendations for Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) H5N1 Virus in Livestock For Workers. Disponible en <https://www.aphis.usda.gov/sites/default/files/recommendations-workers-hpai-livestock.pdf>.

respiratorios o conjuntivitis, se les debe tomar rápidamente una muestra y se deben aplicar medidas preventivas de control de infecciones para evitar una posible propagación posterior a otras personas y a los animales. Puede consultarse orientación detallada sobre el tratamiento en las directrices mundiales y nacionales pertinentes.²⁷

Se está investigando el riesgo que supone para el ser humano el consumo de leche contaminada con el virus A(H5N1). Es importante que las personas sigan aplicando prácticas de inocuidad de los alimentos.²⁸ Muchos agentes patógenos zoonóticos peligrosos pueden transmitirse a través de la leche no pasteurizada, por lo que la FAO y la OMS recomiendan encarecidamente consumir solo leche pasteurizada y evitar el consumo de leche cruda.²⁹

En los próximos días y semanas se dispondrá de más información, ya que se están llevando a cabo investigaciones en Estados Unidos de América y otros países. La OMS y el Sistema Mundial de Vigilancia y Respuesta a la Gripe, junto con la FAO, la OMSA y la Red Científica Conjunta de OMSA-FAO sobre Gripe Animal (OFFLU, por su sigla en inglés) están colaborando estrechamente para evaluar de forma continua la situación de la influenza aviar. Esto incluye el aumento de la vigilancia y toma de muestras para seguir la evolución y la propagación geográfica de los virus de la influenza aviar, incluidos los virus A(H5N1), con el fin de proporcionar evaluaciones del riesgo oportunas y actualizadas.

²⁷ Guidelines for the clinical management of severe illness from influenza virus infections. Ginebra: Organización Mundial de la Salud; 2022 (<https://apps.who.int/iris/handle/10665/352453>, consultado el 2 de diciembre del 2022).

²⁸ Administración de Alimentos y Medicamentos de Estados Unidos (23 de abril del 2024). Updates on Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI). Disponible en <https://www.fda.gov/food/alerts-advisories-safety-information/updates-highly-pathogenic-avian-influenza-hpai>.

²⁹ Comisión Mixta FAO/OMS del Codex Alimentarius. Codex Alimentarius: Code of hygienic practice for milk and milk products. Disponible en: https://www.fao.org/fileadmin/user_upload/livestockgov/documents/CXP_057e.pdf.