



Influenza (gripe)

Influenza (gripe) Inicio

Informe técnico: Virus de la influenza aviar A (H5N1) altamente patógena

Actualizado el 17 de marzo del 2023

El 17 de abril del 2023 se publicó un [anexo de este informe](#). El anexo resume el análisis genómico y de casos del virus de [la primera infección por H5N1 notificada en humanos en Chile](#). El riesgo general para la salud humana asociado a los brotes de A(H5N1) en curso en aves silvestres y aves de corral no se ha modificado y permanece bajo en este momento.

Resumen ejecutivo

Desde el 2022, a pesar de la amplia propagación geográfica de los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar (HPAI) en aves silvestres y de corral en todo el mundo con derrame esporádico a mamíferos, se identificó solo una pequeña cantidad de casos esporádicos en seres humanos de A(H5N1). Todos los casos en seres humanos notificados desde el 2022 estuvieron asociados a exposiciones recientes a aves de corral, y no se han identificado casos de contagio entre personas. A la fecha, los virus A(H5N1) HPAI en circulación en aves y aves de corral con derrame a mamíferos, y aquellos que han causado infecciones en seres humanos, no tienen la capacidad de fijarse fácilmente a los receptores que predominan en las vías respiratorias superiores de los seres humanos. Por consiguiente, el riesgo actual para el público de los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar sigue siendo bajo. Sin embargo, debido al potencial de los virus de la influenza de evolucionar rápidamente y la prevalencia global de brotes de los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en aves silvestres y de corral, se anticipa que continúen los casos de infecciones esporádicas en seres humanos. Es crítico seguir con tareas integrales de vigilancia de estos virus en aves silvestres, de corral, mamíferos y personas de todo el mundo, así como con reevaluaciones frecuentes para determinar el riesgo para la salud pública, y diseñar iniciativas de preparación constantes.

Puntos clave

- Los CDC están trabajando activamente en las situaciones en el país que involucran virus A(H5N1) HPAI del clado 2.3.4.4b en brotes en aves silvestres y de corral, lo que incluye la vigilancia entre las personas con exposiciones relevante y prepararse para la posibilidad de que los virus A(H5N1) actuales desarrollen la capacidad de mayor transmisibilidad a las personas.
- Los CDC, junto con nuestros socios de salud pública estatales y locales, seguimos monitoreando activamente a las personas en los Estados Unidos que estuvieron expuestas a aves silvestres y de corral infectadas por 10 días después de la exposición. A la fecha, hemos monitoreado a más de 6 300 personas en 52 jurisdicciones desde el 2022, y solo se ha identificado un caso en seres humanos.
- Un virus H5 de vacuna experimental (CVV) producido por los CDC es casi idéntico o, en muchas muestras, idéntico en su proteína hemaglutinina (HA) a la proteína de los virus A(H5N1) HPAI del clado 2.3.4.4b detectados recientemente en aves y mamíferos (incluido el brote reciente en visones de criadero en España) y podría utilizarse para producir una vacuna para las personas, si esto fuera necesario, que aportaría buena protección contra los virus A(H5N1) HPAI del clado 2.3.4.4b actualmente en circulación en aves. Este CVV H5 está disponible y ya fue compartido con fabricantes de vacunas.
- Como los virus de la influenza cambian constantemente, los CDC realizan análisis constantes de los virus A(H5N1) para identificar cambios genéticos que podrían propiciar una propagación más fácil a las personas y entre las personas, causar una enfermedad grave en las personas, reducir la susceptibilidad a los antivirales, afectar la sensibilidad de las pruebas de diagnóstico o reducir el efecto de neutralización de los virus de los anticuerpos inducidos por vacunas. A la fecha no se ha identificado ninguno de estos cambios preocupantes en los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en los virus en circulación en aves silvestres y de corral de todo el mundo o que han provocado infecciones esporádicas en seres humanos.
- En la actualidad, se cree que los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar representan un riesgo bajo para la salud del público en general en los Estados Unidos; sin embargo, las personas con exposición a aves infectadas

relacionada con su trabajo o con actividades recreativas podrían tener mayor riesgo de infección y deberían adoptar las precauciones correspondientes que se describen en las guías de los CDC.

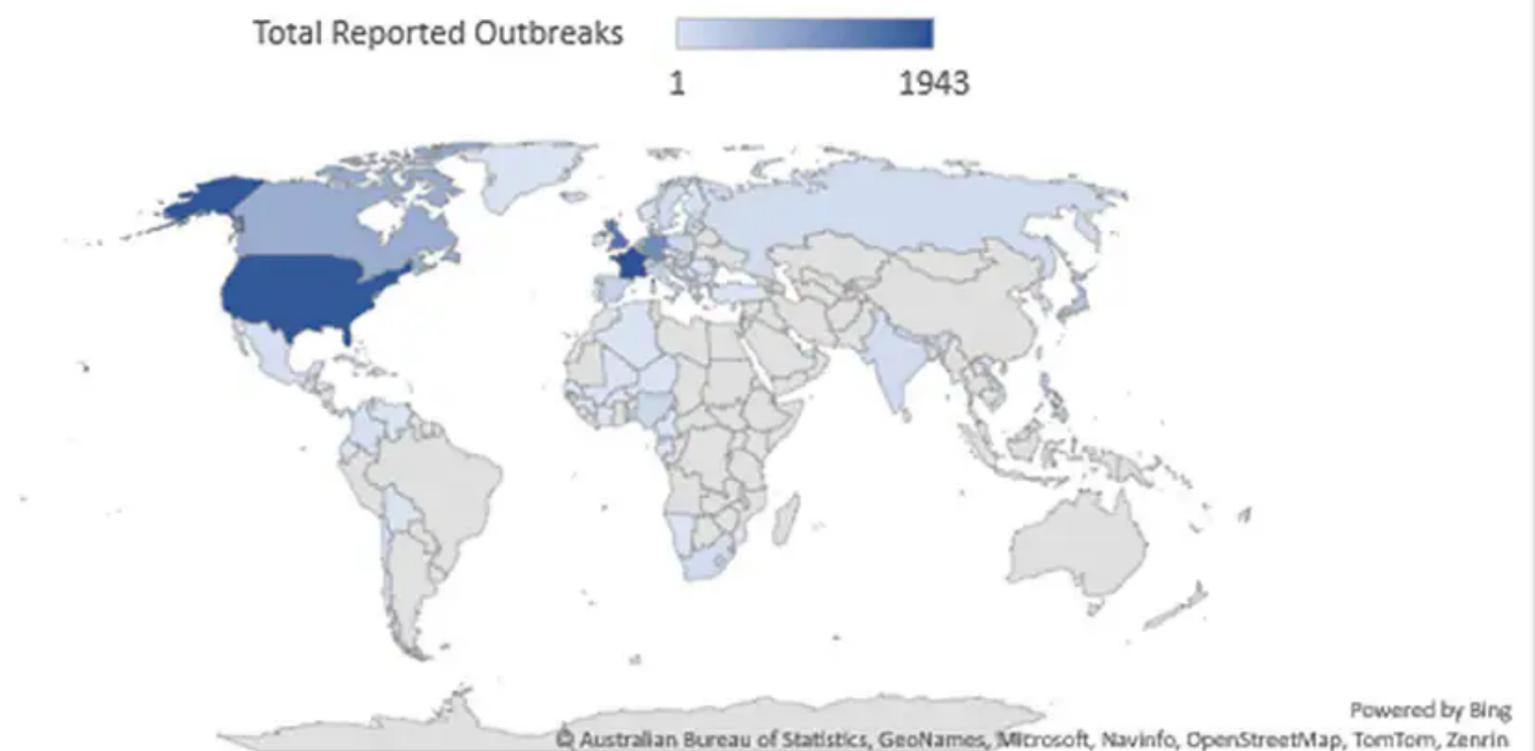
- La vigilancia integral y las iniciativas de preparación siguen su curso y los CDC adoptan constantemente medidas de preparación en caso de riesgo para las personas a causa de cambios en los virus A(H5N1) HPAI u otros virus nuevos de la influenza A.

Virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en aves silvestres y de corral

Desde el 2005, los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar han atravesado procesos amplios de diversificación genética que incluyeron la formación de cientos de genotipos posteriores a su reagrupación con otros virus A de la influenza aviar. Los virus A(H5N1) del clado 2.3.4.4b de la forma altamente patógena de la influenza aviar aparecieron en el 2020 y llegaron a Norteamérica a fines del 2021 [1] para luego propagarse a América Central y Sudamérica, lo que resultó en brotes en aves silvestres y de corral en muchos países [2].

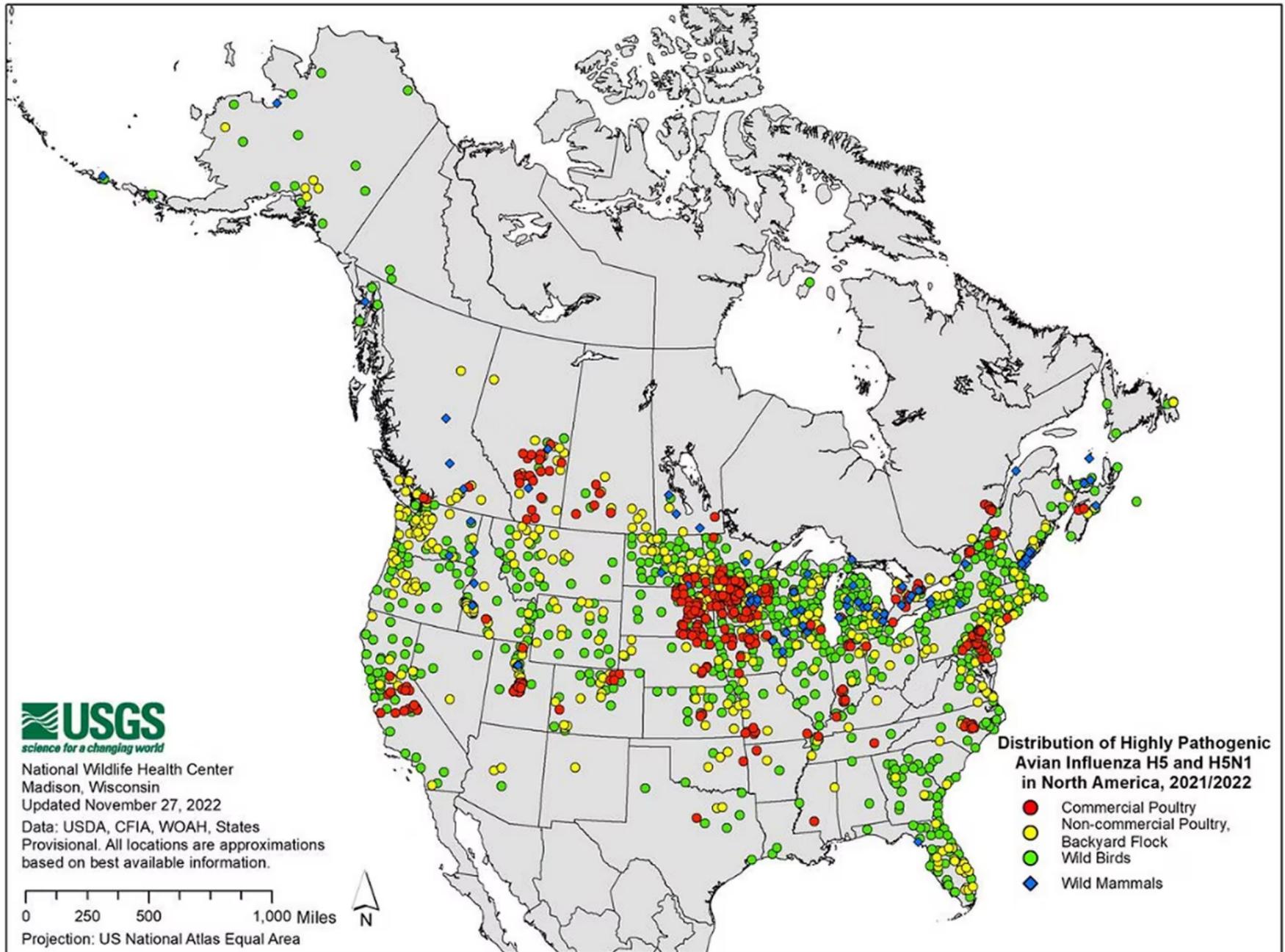
Estos virus A(H5N1) del clado 2.3.4.4b de la forma altamente patógena de la influenza aviar se han propagado en todo el mundo causando cantidades récord de brotes en aves silvestres, domésticas, locales y de corral. 73 estados miembro han notificado más de 11 300 brotes en animales por los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar a la [Organización Mundial de Sanidad Animal](#) desde enero del 2022.

Reported HPAI A(H5N1) Animal Outbreaks* Reported to the World Organization for Animal Health (WOAH), Jan 2022-Feb 2023



* *La WOA define un brote como la aparición de uno o más casos en un grupo de animales con una relación epidemiológica definida. Por consiguiente, la cantidad de brotes no refleja la cantidad de animales afectados.

En los Estados Unidos, [el APHIS del USDA monitorea la aparición de virus de la influenza aviar](#) en aves silvestres, de cría comercial y de corral. De enero del 2022 al 15 de marzo del 2023, el APHIS notificó la detección de la forma altamente patógena de la influenza aviar por los virus A(H5)/A(H5N1) en 6 444 [aves silvestres](#) de 49 estados y 799 [bandadas de cría comercial y de corral](#) de 47 estados.



Fuente: [Distribución de la forma altamente patógena de la influenza aviar en América del Norte, 2021/2022 | Encuesta Geológica de los EE. UU. \(usgs.gov\)](https://www.usgs.gov)

Ampliar

Infecciones por los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar entre mamíferos

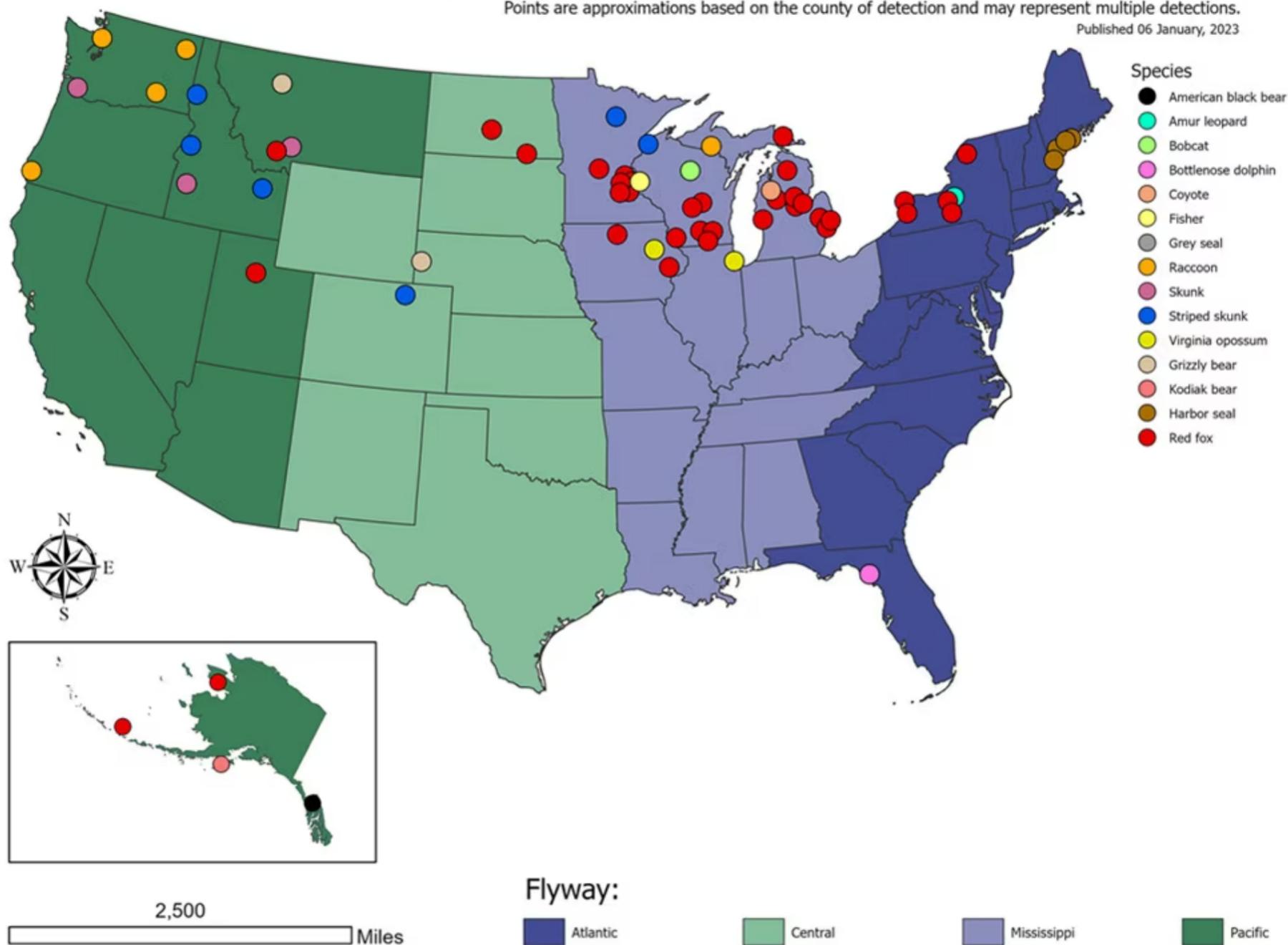
Se han notificado infecciones esporádicas por el virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en mamíferos por 20 años en países que sufrieron brotes de virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en aves silvestres y de corral. Se sabe que los virus A(H5) de la forma altamente patógena de la influenza aviar infectan en ocasiones a mamíferos que comen aves o aves de corral (presumiblemente infectadas) o a mamíferos expuestos a entornos con alta concentración del virus.

En los Estados Unidos, entre mayo del 2022 y el 15 de marzo del 2023, [el APHIS del USDA notificó](https://www.aphis.usda.gov) la detección del virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en 144 mamíferos de 23 estados. En el mundo se han notificado infecciones por el virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en visones de criadero de [España](https://www.espana.com), lobos marinos de [Perú](https://www.peru.gob.pe) y [Chile](https://www.chile.gob.cl), y zorros en [Canadá](https://www.canada.ca), Francia y otros países. Las notificaciones de infecciones por el virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en mamíferos no sorprenden dados los brotes generalizados de infecciones por este virus A(H5N1) altamente patógeno en aves silvestres.

Detections of Highly Pathogenic Avian Influenza in Mammals

Points are approximations based on the county of detection and may represent multiple detections.

Published 06 January, 2023



Fuente: [APHIS DEL USDA](#) | [Detección de la forma altamente patógena de la influenza aviar en mamíferos en 2022-2023](#)

[Ampliar](#)

Los datos genéticos han revelado que cuando algunos mamíferos se infectan por el virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar, el virus puede atravesar un proceso de evolución en su huésped, lo que resulta en cambios genéticos que le permiten al virus replicarse de manera más eficiente en las vías respiratorias inferiores [3-5].

Aunque estos cambios genéticos pueden impactar en las consecuencias de la enfermedad para los mamíferos, no han sido asociados a una mayor transmisibilidad del virus a los seres humanos. En la actualidad, los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar no tienen la capacidad de infectar fácilmente y fijarse a los receptores del ácido siálico en el enlace $\alpha 2,6$, que son los que predominan en las vías respiratorias superiores de los seres humanos [6], lo que sería necesario para aumentar el riesgo de transmisión a las personas [7,8].

Casos de A(H5N1) en seres humanos

Si bien los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar están en circulación extendida entre aves silvestres y de corral en muchas regiones geográficas, en los últimos años se ha notificado una cantidad relativamente baja de casos de A(H5N1) en seres humanos [figura 1]. Entre enero del 2022 y el 15 de marzo del 2023, se notificaron diez casos esporádicos en seres humanos de A(H5N1) en siete países [Tabla 1].

En los Estados Unidos se notificó un caso de A(H5N1) en un ser humano en abril del 2022. La persona refirió fatiga sin otros síntomas y se detectaron niveles bajos de ARN viral para A(H5N1) en una sola muestra de las vías respiratorias superiores. Es posible que la detección de ARN viral para A(H5N1) resultara de la deposición de material viral no infeccioso en las vías respiratorias superiores de la persona y no representara una infección real, similar a la contaminación ambiental atribuida a los dos casos asintomáticos notificados en España [9].

Todos los casos notificados tenían antecedentes recientes de exposición a aves de corral enfermas o muertas, y no se identificó ningún caso de transmisión del virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar de persona a persona. Cinco casos (3 niños, 2 adultos) se enfermaron gravemente y 2 murieron. Siete casos estuvieron asociados al clado 2.3.4.4b de los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar y dos casos estuvieron asociados al clado 2.3.2.1C de los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar; ninguna de las secuencias genéticas de estos virus A(H5N1) altamente patógenos contenía marcadores conocidos de menor susceptibilidad a los medicamentos antivirales para la influenza actualmente recomendados y aprobados por la FDA.

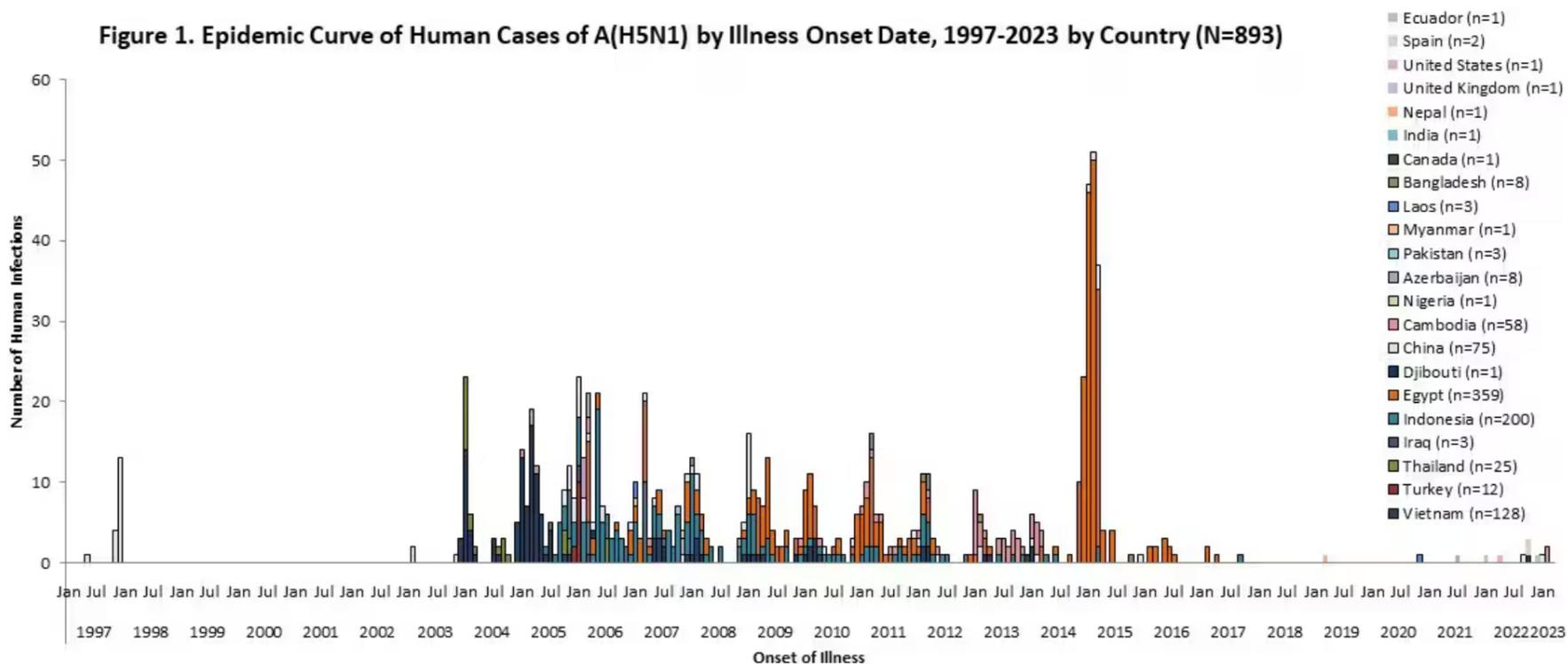
Tabla 1. Casos notificados de A(H5N1) en seres humanos, enero del 2022 al 15 de marzo del 2023

País del caso	Mes de aparición de la enfermedad o detección del caso	Gravedad y consecuencias de la enfermedad	Clado del virus por secuenciación o brotes en aves de corral asociados
Camboya	Febrero 2023	Enfermedad grave, murió	Clado 2.3.2.1c
Camboya	Febrero 2023	Enfermedad leve, sobrevivió	Clado 2.3.2.1c
China	Septiembre 2022	Enfermedad grave, murió	Clado 2.3.4.4b
China	Enero 2023	Hospitalización, no se notificó resultado final	Clado 2.3.4.4b
Ecuador	Diciembre 2022	Enfermedad grave, sobrevivió	Clado 2.3.4.4b
España	Septiembre 2022	Asintomático	Clado 2.3.4.4b
España	Octubre 2022	Asintomático	Clado 2.3.4.4b
Reino Unido	Enero 2022	Asintomático	Clado 2.3.4.4b
Estados Unidos	Abril 2022	Solo fatiga, sobrevivió	Clado 2.3.4.4b
Vietnam	Octubre 2022	Enfermedad grave, sobrevivió	No informado

Desde 1997, se ha notificado un total de 893 infecciones esporádicas en seres humanos por el virus A(H5N1) en 21 países [figura 1], causados por diferentes clados del virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar [10], con una proporción de muerte acumulada superior al 50 %. Los casos de A(H5N1) en seres humanos alcanzaron su máximo en el 2006 (115 casos, 9 países) y en el 2015 (145 casos, 4 países), principalmente debido a una gran epidemia en Egipto, con 136 casos [figura 1].

Casi todos los casos de A(H5N1) en seres humanos notificados estaban asociados a exposiciones a aves de corral enfermas o muertas o a visitas a mercados de aves vivas. Es probable que se hayan producido algunas transmisiones de persona a persona poco frecuentes, limitadas, no sostenidas del virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en una cantidad reducida de familiares, después de la exposición prolongada, estrecha y sin protección con un paciente sintomático durante el 2004-2007 en varios países [11-14].

Figure 1. Epidemic Curve of Human Cases of A(H5N1) by Illness Onset Date, 1997-2023 by Country (N=893)



Monitoreo activo de personas expuestas al virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en los Estados Unidos

Si bien en el último tiempo hubo algunos casos en seres humanos, dada la extensión de las infecciones entre aves de corral y aves silvestres, las personas con exposición por motivos laborales o recreativos a aves infectadas o a mamíferos enfermos o muertos podrían correr mayor riesgo de infección.

Los CDC, junto con socios de salud pública estatales, territoriales y locales, monitorean de manera activa a las personas expuestas a aves silvestres y de corral infectadas por 10 días a partir de su última exposición. Al 15 de marzo del 2023:

- Total de personas monitoreadas: más de 6 300 en 52 jurisdicciones desde febrero del 2022
- Total de enfermedades notificadas entre personas monitoreadas: más de 160 personas
- Cantidad de resultados positivos para el virus de la influenza A(H5N1): 1

De las aproximadamente 160 personas con síntomas a quienes se les realizaron pruebas de detección de virus de la influenza estacional A nuevos, además de otros virus respiratorios, se detectó material genético del virus A(H5N1) de la influenza aviar altamente patógena en una persona de Colorado que refirió fatiga sin ningún otro síntoma al sacrificar aves de corral. [Ver la sección de arriba sobre "[Casos de A\(H5N1\) en seres humanos.](#)"]

Vigilancia de la influenza en los EE. UU. para detectar infecciones en seres humanos con virus nuevos de la influenza A, incluido el virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar

La infección en seres humanos por un virus nuevo de la influenza A, incluido el virus A(H5N1) de la influenza aviar altamente patógena, es una afección de notificación obligatoria a nivel nacional (definición de caso: [Definición de caso de infecciones por un virus A de la influenza nuevo, 2014 | CDC](#))

Hay pruebas de detección de la influenza ampliamente disponibles en laboratorios clínicos y establecimientos de atención médica. Las pruebas en estos entornos permiten detectar infecciones por el virus de la influenza A(H5N1) como positivas para influenza A y hay un subgrupo de pruebas que también permiten determinar si se trata de subtipos de virus de la influenza A estacional que no están actualmente en circulación (H1 o H3). Las pruebas de personas que pudieron haber estado expuestas al virus H5N1 o que dan

positivo para un virus de influenza A pero negativo para los subtipos A(H1) y A(H3) se deben enviar al laboratorio de salud pública estatal o local para un análisis más exhaustivo. Se han enviado muy pocas muestras a los CDC para la realización de pruebas de detección del H5 desde enero del 2022.

- Las pruebas de detección del virus de la influenza estacional que también permiten detectar virus nuevos de influenza A se usan en 128 laboratorios de salud pública de los 50 estados de los EE. UU.
- Hay pruebas de diagnóstico específicas para detectar virus A(H5) actuales en 99 laboratorios de salud pública de los 50 estados.

De conformidad con protocolos estándar de larga data, al detectar un virus positivo para H5 o un virus que no se puede subtipificar como un H1 o H3 en circulación en la actualidad, el laboratorio de salud pública se pone en contacto con los CDC y envía la muestra a los CDC para su confirmación. Se inicia una investigación del caso y se completa un formulario de notificación de caso que se envía a los CDC a través del módulo de notificación de virus de influenza A nuevos.

Actividades de preparación de los CDC y el gobierno de los EE. UU.

Actividad	Resumen
Vigilancia mundial y respuesta rápida a infecciones en humanos	<p>La División de Influenza de los CDC brinda apoyo a la vigilancia en mercados de aves vivas, granjas domésticas y aves silvestres y/o sus entornos en Bangladesh, Camboya, China, Guatemala, Kenia, Laos, Perú, Tailandia y Vietnam. Los datos de vigilancia señalan la alta prevalencia y amplia variedad de virus A de la influenza aviar en aves y ayudan a describir los cambios en la epidemiología de los virus A de la influenza aviar.</p> <p>En 2022, la División de Influenza hizo el seguimiento de más de 50 infecciones en seres humanos con los virus A de la influenza aviar notificadas a la OMS por parte de siete países en cuatro regiones de la OMS. En el último tiempo, el personal de campo de la División de Influenza de los CDC colaboró en investigaciones de respuesta rápida de dos casos de H5N1 en seres humanos en Camboya en el 2023.</p>
Evaluaciones virológicas	<p>Como los virus de la influenza tienen altos índices de error durante su replicación y evolucionan rápidamente, los CDC realizan análisis genéticos de manera constante a los virus para identificar cambios que puedan impactar en sus fenotipos, como su antigenicidad, susceptibilidad a los antivirales, transmisibilidad y/o patogénesis. También se analizan genéticamente para evaluar cambios que puedan afectar el rendimiento de las pruebas de diagnóstico.</p>
Diagnóstico	<p>Hay diferentes pruebas de diagnóstico de reacción de la cadena de polimerasa en transcripción reversa (RT-PCR, por sus siglas en inglés) en tiempo real de virus de la influenza de los CDC permiten detectar los virus típicos (estacionales) que afectan a los seres humanos o virus nuevos de influenza A (por ejemplo, H5, H7) que pueden infectar a personas por transmisión zoonótica. Estas pruebas de diagnóstico se utilizan en los 50 estados de los EE. UU. y en todo el mundo. Además, existen pruebas de diagnóstico de los CDC que detectan específicamente los virus H5 actuales, las cuales están disponibles en los laboratorios de salud pública en los 50 estados de los EE. UU. y en laboratorios internacionales.</p> <p>Es probable que la mayoría de las pruebas comerciales utilizadas para la detección de virus de la influenza en seres humanos permitan detectar los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar porque apuntan a las proteínas conservadas.</p>
Desarrollo de virus de vacuna experimental	<p>El desarrollo de virus de vacuna experimentales (CVV), en coordinación con la OMS, sigue siendo un componente esencial de la estrategia global de preparación para una pandemia de influenza. Se ha creado una biblioteca de virus H5 de vacuna</p>

experimental con recomendaciones adicionales para su desarrollo durante las reuniones de consulta bianuales sobre vacunas (Vea la tabla y <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations/zoonotic-influenza-viruses-and-candidate-vaccine-viruses> ).

Se han desarrollado CVV similares al A/Astrakhan/3212/2020, estrechamente relacionado con los virus H5N1 (clado 2.3.4.4b) en circulación en América del Norte y están a disposición de los fabricantes de vacunas. Los dos CVV producidos por los CDC (es decir, IDCDC-RG71A) y la FDA (CBER-RG8A) de los EE. UU. codifican una hemaglutinina (HA) que es casi idéntica a la HA de los virus H5N1 del clado 2.3.4.4b más recientes detectados en aves y mamíferos, y podrían usarse para producir una vacuna para las personas, si fuera necesario. Se ha recomendado el desarrollo de dos CVV H5N1 del clado 2.3.4.4b como parte de la preparación para la pandemia.

Vacunas

Las cepas de virus de la influenza con potencial pandémico cambian con el tiempo y hay varias cepas en circulación en animales todos los años sin que esto provoque un contagio entre personas sostenido. El gobierno de los EE. UU. tiene un programa de preparación que permite una respuesta rápida a las cepas del virus de la influenza a medida que las cepas evolucionan. Como parte de este programa, la Autoridad de Investigación y Desarrollo Biomédico de Avanzada (BARDA) trabaja junto a socios de la industria privada para elaborar y analizar pequeñas cantidades de vacunas actualizadas que coincidan con las nuevas cepas de los virus de la influenza con potencial pandémico a medida que aparecen, por si alguno de ellos resulta en contagio sostenido entre personas y al mismo tiempo, sustentar la capacidad de fabricación para propiciar una producción de vacunas a mayor escala cuando sea necesario.

Limitaciones del informe

Este informe está sujeto a las siguientes limitaciones. Primero, la cantidad de infecciones en seres humanos por el virus A(H5N1) clado 2.3.4.4b de la influenza aviar altamente patógena es muy reducida. Las conclusiones de los análisis de caracterización de los virus, su transmisibilidad de animales a personas, transmisibilidad entre personas y espectro de presentación clínica de la enfermedad en personas se deben interpretar considerando esta cantidad pequeña. Segundo, no había información detallada de exposiciones disponible para todas las personas monitoreadas en busca de enfermedad después de la exposición a aves y aves de corral infectadas por el virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en los Estados Unidos. Por consiguiente, no pudimos evaluar el impacto de las variables de exposición como su duración, naturaleza (por ejemplo, contacto directo o indirecto) y el uso de equipos de protección personal sobre el riesgo de infección.

Conclusiones

- A la fecha, los análisis de los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar del clado 2.3.4.4b realizados por los CDC en aves silvestres, de corral y esporádicamente en mamíferos desde fines del 2021 indican que todos estos virus tienen un alto grado de identidad genética entre sí y no se identificó ninguna sustitución adaptativa, inserción ni eliminación en mamíferos significativa, particularmente en el gen de la HA, que es importante para la transmisión zoonótica y el posterior contagio entre personas.
- Considerando la prevalencia alta de los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en aves silvestres y de corral en todo el mundo, se prevé el derrame a mamíferos (particularmente, carnívoros que se alimentan de especies aviarias infectadas) y otras infecciones zoonóticas esporádicas entre personas con exposición a aves de corral y silvestres enfermas o muertas.
- La HA de los virus A(H5N1) del clado 2.3.4.4b en circulación en la actualidad en aves silvestres y de corral de todo el mundo no tiene la capacidad de fijarse preferencialmente a los tipos de receptores de ácido siálico que predominan en las vías respiratorias superiores de los seres humanos y, por consiguiente, por el momento no tienen la capacidad de infectar o transmitirse fácilmente entre personas.
- A pesar de la propagación mundial de los virus A(H5N1) de la influenza en aves silvestres y de corral en los últimos años, se notificó solo una pequeña cantidad de infecciones en seres humanos por los virus A(H5N1) de los clados 2.3.4.4b o 2.3.2.1c desde el 2022; todos los casos tenían exposición reciente a aves de corral y no se identificó ningún caso de transmisión del virus A(H5N1) de la influenza entre personas.

Si bien la evaluación de los CDC es que la amenaza general de la HA de los virus A(H5N1) del clado 2.3.4.4b para la salud pública es baja por el momento, la prevalencia de propagación geográfica en aves silvestres y de corral infectadas eleva la posibilidad de exposiciones de seres humanos y otros mamíferos, lo que podría provocar la evolución del virus y su reagrupamiento y, a su vez, producir un cambio en la evaluación del riesgo actual. La vigilancia en curso de los virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en circulación en aves silvestres, aves de corral e infecciones esporádicas en mamíferos y personas en todo el mundo es crítica para monitorear el riesgo para la salud pública y detectar cambios genéticos (particularmente, en el gen de la HA) que pudieran modificar la evaluación de riesgo de los CDC.

Referencias

1. Bevins SN, Shriner SA, Cumbee JC Jr, Dilione KE, Douglass KE, Ellis JW et al. Intercontinental Movement of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4 Virus to the United States, 2021. *Emerg Infect Dis.* 2022 May;28(5):1006-1011.
2. World Health Organization. Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza A viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness. February 2023. https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/who-influenza-recommendations/vcm-northern-hemisphere-recommendation-2023-2024/20230224_zoonotic_recommendations.pdf?sfvrsn=38c739fa_4 [1.17 MB, 12 páginas] 
3. Gabriel G, Czudai-Matwich V, Klenk HD. Adaptive mutations in the H5N1 polymerase complex. *Virus Res.* 2013 Dec 5;178(1):53-62. doi: 10.1/j.virusres.2013.05.010.
4. Bogs J, Kalthoff D, Veits J, Pavlova S, Schwemmler M, Mänz B et al. Reversion of PB2-627E to -627K during replication of an H5N1 Clade 2.2 virus in mammalian hosts depends on the origin of the nucleoprotein. *J Virol.* 2011 Oct;85(20):10691-8. doi: 10.11/JVI.00786-11.
5. Agüero M, Monne I, Sánchez A, Zecchin B, Fusaro A, Ruano MJ et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection in farmed minks, Spain, October 2022. *Euro Surveill.* 2023 Jan;28(3):2300001. doi: 10.28/1560-7917.ES.2023.28.3.2300001.
6. Kandeil A, Patton C, Jones J, Jeevan T, Harrington W, Trifkovic S et al. Rapid evolution of A(H5N1) influenza viruses after intercontinental spread to North America. *Research Square*; 2022. DOI: 10.21/rs.3.rs-2136604/v1.
7. van Riel D, den Bakker MA, Leijten LM, Chutinimitkul S, Munster VJ, de Wit E et al. Seasonal and pandemic human influenza viruses attach better to human upper respiratory tract epithelium than avian influenza viruses. *Am J Pathol.* 2010 Apr;176(4):1614-8. doi: 10.24/ajpath.2010.090949.
8. Shinya K, Ebina M, Yamada S, Ono M, Kasai N, Kawaoka Y. Avian flu: influenza virus receptors in the human airway. *Nature.* 2006 Mar 23;440(7083):435-6. doi: 10.1/440435a.
9. Aznar E, Casas I, González Praetorius A, Ruano Ramos MJ, Pozo F, Sierra Moros MJ et al. Influenza A(H5N1) detection in two asymptomatic poultry farm workers in Spain, September to October 2022: suspected environmental contamination. *Euro Surveill.* 2023 Feb;28(8):2300107. doi: 10.28/1560-7917.ES.2023.28.8.2300107. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36820643/> 
10. Lai S, Qin Y, Cowling BJ, Ren X, Wardrop NA, Gilbert M et al. Global epidemiology of avian influenza A H5N1 virus infection in humans, 1997-2015: a systematic review of individual case data. *Lancet Infect Dis.* 2016 Jul;16(7):e108-e118. doi: 10.1/S1473-3099(16)00153-5. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27211899/> 
11. Ungchusak K, Auewarakul P, Dowell SF, Kitphati R, Auwanit W, Puthavathana P et al. Probable person-to-person transmission of avian influenza A (H5N1). *N Engl J Med.* 2005 Jan 27;352(4):333-40. doi: 10.11/NEJMoa044021. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15668219/> 
12. Wang H, Feng Z, Shu Y, Yu H, Zhou L, Zu R et al. Probable limited person-to-person transmission of highly pathogenic avian influenza A (H5N1) virus in China. *Lancet.* 2008 Apr 26;371(9622):1427-34. doi: 10.1/S0140-6736(08)60493-6. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18400288/> 
13. WHO Disease Outbreak News. 2006 - Indonesia. 31 May 2006. Accessed at: https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2006_05_31-en 
14. Organización Mundial de la Salud. Human cases of avian influenza A (H5N1) in North-West Frontier Province, Pakistan, October-November 2007. *Wkly Epidemiol Rec.* 2008 Oct 3;83(40):359-64. Accessed at: <https://reliefweb.int/report/guinea/weekly-epidemiological-record-wer-3-october-2008-vol-83-no-40-pp-357-364-enfr> 

Recursos

[Definiciones de caso para investigaciones de infección en seres humanos por los virus A de la influenza aviar en los Estados Unidos](#)

[Directrices provisionales para la quimioprofilaxis antiviral de influenza en personas expuestas a aves con los virus de influenza aviar A asociados a enfermedades graves en humanos o con el potencial para causar enfermedades graves en humanos](#)

[Guía interina sobre el seguimiento de contactos cercanos de personas infectadas por los virus de la nueva influenza A y el uso de medicamentos antivirales como quimioprofilaxis](#)

[Breve resumen para médicos: Evaluar y controlar a pacientes expuestos a aves infectadas por los virus de la influenza aviar A que implican una preocupación para la salud pública](#)

[Guía interina para la realización de pruebas y recolección de muestras de pacientes con presunta infección por los virus de la nueva influenza A con el potencial de causar enfermedades graves en seres humanos](#)

[Guía interina para el control de infecciones en el ámbito del cuidado de salud al atender a pacientes con infección por el virus de la nueva influenza tipo A, confirmada o probable, y a pacientes en investigación, cuando la infección está asociada a un estado grave de la enfermedad | Influenza aviar \(gripe aviar\) \(cdc.gov\)](#)

[Directrices provisionales para el uso de medicamentos antivirales en el tratamiento de infecciones en seres humanos con los virus nuevos de la influenza tipo A asociados a enfermedades graves](#)

Información adicional

[Resumen de situación actual de la influenza aviar | Influenza aviar \(gripe aviar\) \(cdc.gov\)](#)

[Infecciones por el nuevo virus de influenza A \(cdc.gov\): panel interactivo de todas las infecciones por el nuevo virus de influenza A en seres humanos notificadas en los Estados Unidos desde el 2010](#)

[Infecciones notificadas en humanos por virus de la influenza aviar A](#)

[Ejemplos anteriores de probables casos de propagación de persona a persona limitada, no sostenida, de los virus A de la influenza aviar](#)

[Aspectos destacados de la cronología de la historia de la influenza aviar - 2020 a 2023](#)

[Información para personas expuestas a aves infectadas por los virus de la influenza aviar](#)

[Prevención y tratamiento con antivirales de infecciones por el virus de la influenza aviar en personas](#)

[Recomendaciones para la protección de los trabajadores y el uso del equipo de protección personal \(EPP\) para disminuir la exposición a los nuevos virus de la influenza aviar tipo A asociados a enfermedades graves en los seres humanos](#)

[Asesoría de salud de los CDC, 29 de abril del 2022 - Virus de la influenza aviar A\(H5N1\) altamente patógena: Recomendaciones para investigaciones de salud humana y respuesta](#)

[Plan de monitoreo de salud pública para grupos de respuesta del USDA/APHIS para la detección del virus de la influenza aviar en aves de corral !\[\]\(cf907b6581366ac39ee91719072e5253_img.jpg\) \[353 KB, 18 páginas\] !\[\]\(6c9495952809dfab5520b77995960376_img.jpg\)](#)

Las referencias a los sitios no pertenecientes a los CDC se ofrecen como servicio y no constituyen ni implican el respaldo de estas organizaciones o de sus programas por parte de los CDC o el Departamento de Salud y Servicios Humanos de los EE. UU. Los CDC no son responsables por el contenido de las páginas de estos sitios. Las direcciones URL mencionadas estaban actualizadas a la fecha de publicación.

Última revisión: 17 de marzo del 2023

Error al procesar el archivo SSI