



Influenza (gripe)

Influenza (gripe) Inicio

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

Actualizado el 26 de abril del 2024

Este informe es una actualización del [informe del 29 de diciembre del 2023](#) que incluye siete nuevos casos en seres humanos (5 en Camboya, 1 en los Estados Unidos y 1 en Vietnam) y la actividad reciente en aves silvestres, aves de corral y otros animales, incluido un brote en varios estados de los EE. UU. en ganado lechero así como información actualizada sobre la vigilancia de infecciones por el virus A(H5N1) en los Estados Unidos. Incluso teniendo en cuenta estas actualizaciones, los CDC consideran que el riesgo general para la salud humana asociado a los brotes en curso de virus de la influenza aviar A(H5N1) altamente patógena no ha cambiado y por el momento sigue siendo bajo para el público en general de los EE. UU.

Resumen ejecutivo

Desde el 2022, se ha identificado en todo el mundo una pequeña cantidad de casos esporádicos en seres humanos de influenza aviar A(H5N1) altamente patógena (HPAI) en medio de una panzootia de estos virus en aves silvestres y aves de corral. Prácticamente todos los casos en seres humanos notificados en todo el mundo desde el 2022 estuvieron asociados a exposiciones a aves de corral y no se han identificado casos de transmisión entre personas de los virus A(H5N1) de la HPAI. En los Estados Unidos se notificó un caso de infección por el virus A(H5N1) de la HPAI en un trabajador de una granja en abril del 2024 y se atribuyó a la exposición a ganado lechero presuntamente infectado. Un caso previo de infección en un ser humano se notificó en los Estados Unidos en el 2022. En algunos casos se desconoce la fuente de exposición al virus A(H5N1) de la HPAI. A la fecha, los virus A(H5N1) de la HPAI en circulación en la mayoría de las aves y aves de corral con derrame a mamíferos y seres humanos no tienen la capacidad de fijarse fácilmente a los receptores que predominan en las vías respiratorias superiores de los seres humanos. Este es el motivo principal por el cual el riesgo actual para el público de los virus A(H5N1) de la HPAI 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 HPAI en aves silvestres y aves de corral y luego de la identificación y propagación entre el ganado lechero en los Estados Unidos, se anticipa que continúen los casos de infecciones esporádicas en 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 infecciones por virus AH(5N1) de la HPAI del clado 2.3.4.4b en aves silvestres con brotes en aves domésticas y de corral, e infecciones de otros animales como el ganado lechero. Estas actividades incluyen llevar a cabo la vigilancia entre las personas con exposiciones relevantes y prepararse ante la posibilidad de que los virus contemporáneos A(H5N1) de la HPAI aumenten su capacidad de transmisibilidad a personas y entre personas.
- Los CDC, junto con sus socios de salud pública estatales y locales, continúan monitoreando a las personas que han estado expuestas a aves de corral y aves infectadas u otros animales infectados por 10 días luego de la exposición en los Estados Unidos. A la fecha, se ha monitoreado a más de 8 800 personas en 52 jurisdicciones desde el 2022, y solo se han identificado dos casos en seres humanos.
- Se espera que los virus H5 de vacuna experimental (CVV, por sus siglas en inglés) producidos por los CDC ofrezcan una buena protección contra los virus A(H5N1) de la HPAI del clado 2.3.4.4b actuales detectados en aves y mamíferos, incluido el ganado lechero. Ya están disponibles estos virus H5 de vacuna experimental y fueron compartidos con fabricantes de vacunas.
- Debido a que los virus de la influenza cambian constantemente, los CDC realizan análisis constantes de los virus A(H5N1) de la HPAI 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, se han identificado pocos cambios genéticos de preocupación para la salud pública en virus A(H5N1) de la HPAI en circulación en aves silvestres y aves de corral y detectados en ganado lechero en los Estados Unidos.

- En la actualidad, se cree que los virus A(H5N1) de la HPAI que circulan entre las aves y el ganado lechero de los EE. UU. representan un riesgo bajo para la salud del público en general en los Estados Unidos; sin embargo, las personas con exposición a aves infectadas y mamíferos infectados relacionada con su trabajo o con actividades recreativas podrían tener mayor riesgo de infección y deberían adoptar las precauciones correspondientes que se describen en la [Guía 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) de la 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 [1,2] para luego propagarse a América Central y Sudamérica, lo que resultó en brotes en aves silvestres (aves terrestres, acuáticas y costeras y especies migratorias) y aves de corral en muchos países [3-8]. En otoño del 2023, se notificaron los primeros casos detectados de virus A(H5N1) de la HPAI en aves en la región de la Antártida [9]. 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 y han causado cantidades récord de brotes en aves silvestres, domésticas, locales y de corral.

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. Desde enero del 2022 hasta el 25 de abril del 2024, el APHIS notificó detecciones del virus A(H5)/A(H5N1) de la HPAI en más de 9,200 [aves silvestres](#) en 50 estados o territorios y más de 1 100 [bandadas de cría comercial y de corral](#) que afectaron a más de 90 millones de aves en 48 estados.

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 HPAI en mamíferos desde 2003-2004 durante los brotes del virus A(H5N1) de la HPAI en aves de corral y aves silvestres [10-12]. Se sabe que los virus A(H5) de la HPAI 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.

A nivel mundial, países de diferentes regiones del mundo notificaron infecciones y brotes esporádicos por virus A(H5N1) de la HPAI en varias especies de mamíferos ante la [Organización Mundial de Sanidad Animal](#) desde enero del 2022. Las infecciones por el virus A(H5N1) de la HPAI han incluido un oso polar en los [Estados Unidos](#), un visón de granja en [España](#) y [zorros de granja y otros mamíferos en Finlandia](#), [focas grises y de puerto en los Estados Unidos](#), [lobos marinos en Perú](#), [Argentina y Chile](#), [elefantes marinos en Argentina](#), [cabritos en los Estados Unidos](#) y mascotas domesticadas, como [gatos en Polonia](#), [Francia](#), [Corea del Sur](#) y los [Estados Unidos](#) y [perros en Italia](#). En marzo y abril del 2024, los [Estados Unidos notificaron infecciones por virus A\(H5N1\) de la HPAI en ganado lechero en granjas de varios estados](#). Se notificó una propagación [entre granjas lecheras \[292KB, 6 páginas\]](#), y se están investigando las vías de transmisión. En los Estados Unidos, desde mayo del 2022 hasta el 25 de abril del 2024, el APHIS del USDA notificó infecciones por virus A(H5N1) de la HPAI detectados en mamíferos silvestres de diferentes especies en 28 estados.

Casos de A(H5N1) en seres humanos

Si bien los virus A(H5N1) de la HPAI 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 en seres humanos de infecciones por virus A(H5N1) de la HPAI [figura 1]. Desde enero del 2022 hasta el 25 de abril del 2024, se notificaron 26 casos esporádicos en seres humanos de infecciones por virus A(H5N1) en ocho países, incluidos 14 casos graves o críticos y siete muertes, cuatro casos leves y ocho casos asintomáticos [Tabla 1].

[Un caso en humano del virus A\(H5N1\) de la HPAI se notificó en los Estados Unidos 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 en trabajadores avícolas notificados en España [13]. La deposición ambiental transitoria también puede explicar la detección del ARN viral de A(H5N1) en casos de infecciones por el virus A(H5N1) notificados en trabajadores avícolas asintomáticos en el Reino Unido que fueron investigados como parte de un estudio de vigilancia [14-16].

[En los Estados Unidos se notificó un caso de A\(H5N1\) en un trabajador de una granja lechera en abril del 2024.](#) El individuo trabajaba en una granja con vacas enfermas presuntamente infectadas por el virus A(H5N1) de la HPAI en un área donde se confirmó la presencia de vacas con infección por el virus A(H5N1) de la HPAI en otras granjas lecheras. El único síntoma o signo de la enfermedad que tuvo el trabajador fue conjuntivitis. [Se detectó el virus A\(H5N1\) de la HPAI en muestras del hisopado nasal o exudado nasofaríngeo y los datos sobre las secuencias confirmaron el clado 2.3.4.4b, genotipo B3.13,](#) y una estrecha relación genética con los virus detectados en otras granjas lecheras en Texas. Se suministró oseltamivir para el tratamiento del individuo y para la profilaxis posterior a la exposición de los contactos familiares. La conjuntivitis se disipó sin otros síntomas y los contactos familiares estuvieron bien.

Casi todos los casos en seres humanos de infección por el virus A(H5N1) de la HPAI notificados desde enero del 2022 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 HPAI entre personas. Catorce casos (7 niños, 7 adultos) tuvieron enfermedades graves o críticas y siete (3 niños, 4 adultos) murieron. Trece casos estuvieron asociados al virus A(H5N1) de la HPAI del clado 2.3.4.4b en 7 países y once casos estuvieron asociados o presuntamente asociados a los virus A(H5N1) de la HPAI del clado 2.3.2.1c en Camboya y Vietnam. Ninguna de las secuencias genéticas de estos virus A(H5N1) de la HPAI contenía marcadores conocidos de menor susceptibilidad a los medicamentos antivirales para la influenza actualmente recomendados y aprobados por la FDA.

Los datos genéticos han revelado que cuando algunos mamíferos, incluidos los seres humanos, 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 o tejido extrapulmonar [17-19]. Algunos virus A(H5N1) de la HPAI que han infectado a seres humanos en el 2023 y el 2024 también han demostrado los mismos cambios genéticos o similares a los identificados en mamíferos salvajes y cautivos. Por ejemplo, la secuenciación de virus de muestras tomadas de casos en seres humanos identificados en Camboya durante octubre y noviembre del 2023, en Vietnam en el 2024 y en el trabajador de la granja lechera en Texas reveló la presencia del marcador 627K de la proteína básica de la polimerasa 2 (PB2), que suele asociarse a la adaptación de los mamíferos durante la infección [20]. El virus A(H5N1) de la HPAI secuenciado del caso humano en Chile identificado en marzo del 2023 tenía cambios genéticos diferentes (PB2 591K y 701N) que además están asociados a la adaptación a mamíferos [21].

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 HPAI 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 [2], lo que sería necesario para aumentar el riesgo de transmisión a las personas [22,23].

Tabla 1. Casos de A(H5N1) en seres humanos notificados a nivel mundial, de enero del 2022 hasta el 25 de abril del 2024

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
---------------	--	---	--

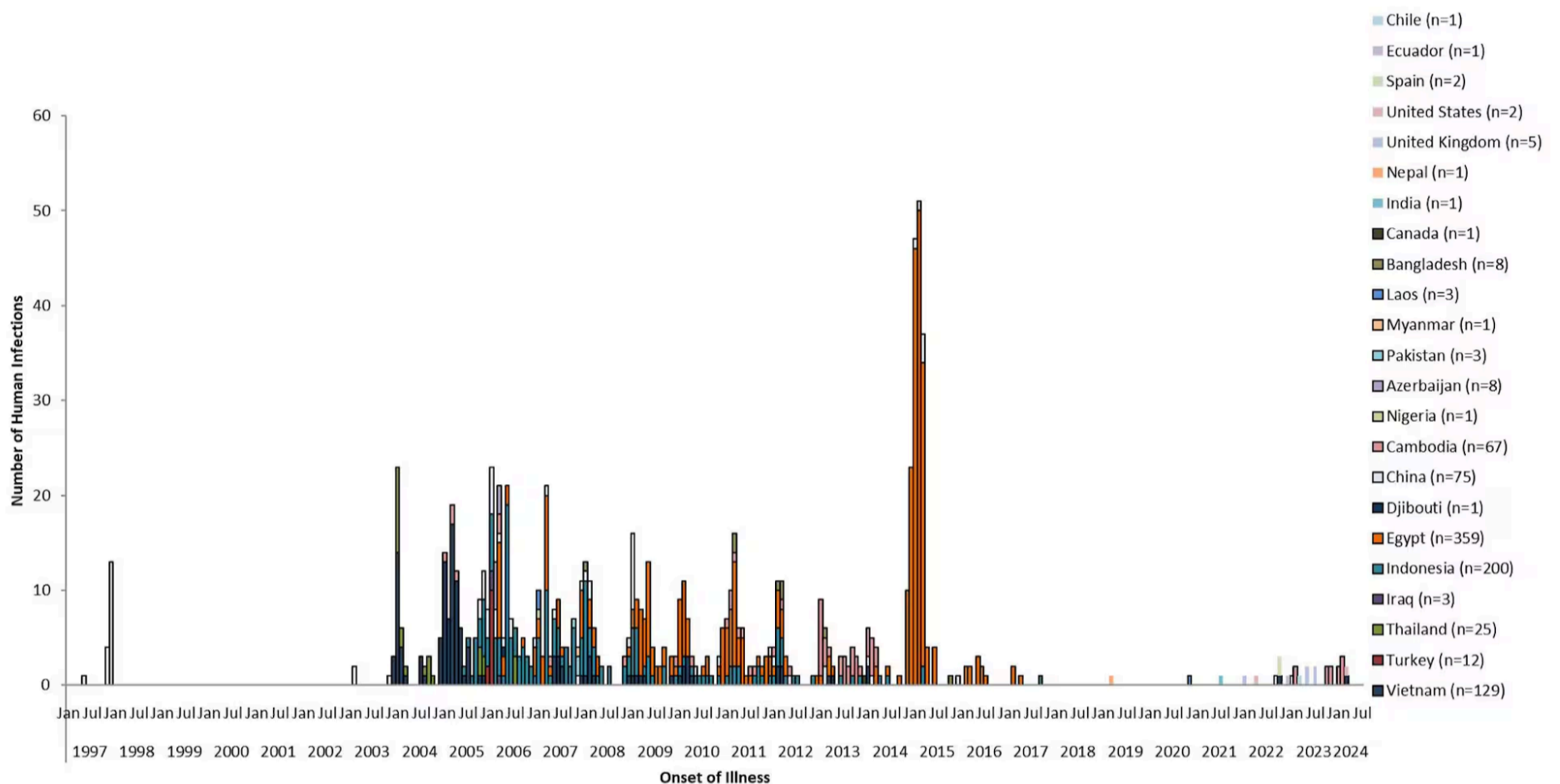
País del caso	Mes de aparición de la enfermedad o detección del caso	Gravedad y consecuencias de la enfermedad	Clado del virus por secuenciación o brotes en aves de corral asociados
Camboya	Febrero 2023	Enfermedad grave, murió	Clado 2.3.2.1c
	Febrero 2023	Enfermedad leve	Clado 2.3.2.1c
	Octubre 2023	Enfermedad grave, murió	Clado 2.3.2.1c
	Octubre 2023	Enfermedad grave, murió	Clado 2.3.2.1c
	Noviembre 2023	Enfermedad grave, murió	Clado 2.3.2.1c
	Noviembre 2023	Enfermedad leve	Clado 2.3.2.1c
	Enero 2024	Enfermedad grave, sobrevivió	Clado 2.3.2.1c
	Enero 2024	Enfermedad grave, sobrevivió	Clado 2.3.2.1c
	Enero 2024	Enfermedad grave, murió	Clado 2.3.2.1c
	Febrero 2024	Enfermedad grave, sobrevivió	No informado
	Febrero 2024	Asintomático	Clado 2.3.2.1c
Chile	Marzo 2023	Enfermedad grave, sobrevivió	Clado 2.3.4.4b
China	Septiembre 2022	Enfermedad grave, murió	Clado 2.3.4.4b
	Enero 2023	Enfermedad grave, 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
	Octubre 2022	Asintomático	Clado 2.3.4.4b
Reino Unido	Enero 2022	Asintomático	Clado 2.3.4.4b
	Mayo 2023	Asintomático	Clado 2.3.4.4b
	Mayo 2023	Asintomático	Clado 2.3.4.4b
	Julio 2023	Asintomático	Clado 2.3.4.4b
	Julio 2023	Asintomático	Clado 2.3.4.4b
Estados Unidos	Abril 2022	Enfermedad leve (fatiga)	Clado 2.3.4.4b
	Marzo 2024	Enfermedad leve (conjuntivitis)	Clado 2.3.4.4b
Vietnam	Octubre 2022	Enfermedad grave, sobrevivió	No informado
	Marzo 2024	Enfermedad grave, murió	Clado 2.3.2.1c

Desde 1997, se ha notificado un total de 909 infecciones esporádicas en seres humanos por el virus A(H5N1) en 23 países, causados por diferentes clados del virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar [24,25], 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 entre personas poco frecuentes, limitadas y no sostenidas del virus de la influenza A(H5N1) de la HPAI 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 [26-29].

Figura 1. Curva epidémica de casos en seres humanos de A(H5N1) por fecha de aparición de la enfermedad, 1997-2024, por condado (N=909)



Monitoreo de personas expuestas al virus A(H5N1) de la HPAI en los Estados Unidos

Si bien en el último tiempo hubo pocos 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 corren mayor riesgo de infección.

Los CDC, junto con socios de salud pública estatales, territoriales y locales, han monitoreado a las personas expuestas a aves de corral y aves infectadas, ganado u otros animales infectados desde la primera exposición y por 10 días a partir de su última exposición, desde febrero del 2022 hasta el 25 de abril del 2024:

- Total de personas monitoreadas: más de 8 800 en 52 jurisdicciones.
- Total de enfermedades notificadas entre personas monitoreadas: alrededor de 200 personas.
- Cantidad de resultados positivos para el virus de influenza A(H5N1): 2 personas.

De las casi 200 personas que presentaban síntomas y que fueron sometidas a pruebas de detección de los nuevos virus de influenza A y de los virus de influenza estacional junto con otros virus respiratorios, se detectó material genético del virus A(H5N1) de la HPAI en una muestra respiratoria de una persona en Colorado que experimentó fatiga sin ningún otro signo o síntoma de enfermedad mientras participaba en actividades de sacrificio de aves de corral, y en una persona en Texas que experimentó conjuntivitis sin ningún otro signo o síntoma de enfermedad mientras trabajaba con ganado lechero enfermo presuntamente infectado por el virus A(H5N1) de la HPAI. [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 centros de atención médica. Las pruebas en estos entornos permiten detectar infecciones por el virus de influenza A(H5N1) como positivas para influenza A, y hay un subgrupo de pruebas que también permitirían determinar que no se trata de los subtipos H1 o H3 de virus de influenza A que suelen circular entre los seres humanos. Las muestras de personas que pudieron haber estado expuestas a virus A(H5N1) de la HPAI 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. [Los CDC deben ser notificados inmediatamente en caso de que alguna de las muestras clínicas de pacientes presuntos resulte positiva para un nuevo virus de influenza A o si las pruebas realizadas a muestras clínicas de casos presuntos no son concluyentes](#). Los casos de infecciones en seres humanos por un nuevo virus de influenza A son de notificación obligatoria a nivel nacional, y las pruebas de confirmación las realizan únicamente los CDC. 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) en 99 laboratorios de salud pública de los 50 estados.

De conformidad con protocolos estándar de larga data, al detectar un virus positivo para la influenza A, pero negativo para los genes H1 o H3 de virus de influenza en humanos, el laboratorio de salud pública contactará inmediatamente a los CDC y les enviará la muestra. Las muestras que son positivas para la influenza A pero negativas para los genes H1 o H3 humanos también pueden ser analizadas para H5 por los laboratorios de salud pública estatales y se envían rápidamente a los CDC para obtener un resultado de diagnóstico. 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

Vigilancia mundial y respuesta rápida a infecciones en humanos

Resumen

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.

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. Hace poco, el personal de campo de la División de Influenza de los CDC colaboró en investigaciones de respuesta rápida de cuatro casos de A(H5N1) en seres humanos en Camboya durante octubre y noviembre del 2023.

[Se están usando los sistemas de los CDC que monitorean los datos de la influenza a nivel nacional, estatal y local durante la situación actual del virus A\(H5N1\) de la HPAI.](#)

- La actividad de los virus de la influenza y la enfermedad es monitoreada durante todo el año mediante un esfuerzo conjunto entre los CDC y varios socios, incluidos los departamentos de salud estatales, locales y territoriales; laboratorios clínicos y de salud pública, clínicas y departamentos de emergencias.

- Los casos en seres humanos de infección por el nuevo virus de influenza A —que son infecciones en humanos por virus de influenza A no humana diferentes de los virus de la influenza A estacional humana que actualmente están en circulación— son de notificación obligatoria a nivel nacional. Cada caso identificado es investigado y notificado a los CDC.
- Los CDC están analizando activamente múltiples indicadores de la influenza durante la situación actual para monitorear los virus de influenza A(H5N1) de la HPAI, e incluso tienen bajo observación los casos de transmisión a personas o propagación del virus entre personas en jurisdicciones en las que se ha identificado el virus en personas o animales.

Actividad

Evaluaciones virológicas

Resumen

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 realizan análisis genéticos para evaluar los cambios que pueden afectar al rendimiento de las pruebas de diagnóstico.

Actividad

Diagnóstico

Resumen


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 A(H5), las cuales están disponibles en los laboratorios de salud pública en los 50 estados de los EE. UU. y en laboratorios internacionales.

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.

Actividad

Desarrollo de virus de vacuna experimental

Resumen

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 experimental (CVV) con recomendaciones adicionales para su desarrollo durante las reuniones de consulta bianuales sobre vacunas (Vea el [Resumen del estado del desarrollo y la disponibilidad de los virus A\(H5N1\) de vacuna experimental y reactivos para probar la potencia de la influenza](#)  [315 KB, 6 páginas] [e Influenza zoonótica: virus de vacuna experimental y reactivos para probar la potencia](#)). La herramienta de evaluación del riesgo de influenza de los CDC también se utiliza para ayudar a [priorizar los virus A\(H5\) de la HPAI para el desarrollo de virus de vacuna experimental](#).

Se han desarrollado CVV similares al A/Astrakhan/3212/2020 y al A/Silbón americano/Carolina del Sur/22-000345-001/2021, estrechamente relacionados con los virus A(H5N1) (clado 2.3.4.4b) de la HPAI en circulación en América del Norte y están a disposición de los fabricantes de vacunas. Los dos CVV producidos por los CDC de los EE. UU. (es decir, IDCDC-RG71A y IDCDC-RG78A) y un CVV producido por la FDA de los EE. UU. (CBER-RG8A) codifican una hemaglutinina (HA) que es casi idéntica o idéntica a la HA de los virus H5N1 del clado 2.3.4.4b más recientes detectados en aves y mamíferos, incluido el ganado lechero, y

podrían usarse para producir una vacuna para las personas, si fuera necesario. Se ha recomendado el desarrollo de otros dos CVV H5N1 del clado 2.3.4.4b como parte de la preparación para la pandemia. Además de los CVV para los virus del clado 2.3.4.4b, se han desarrollado CVV para los virus del clado 2.3.2.1c, como los que han infectado a seres humanos en Camboya durante el 2023. Las pruebas antigénicas demuestran que dos CVV del clado 2.3.2.1, NIBRG-301 (A/pato/Vietnam/tipo NCVD-1584/2012) e IDCDC-RG75A (A/pollo/Ghana/tipo 20/2015), ofrecerán protección contra los virus identificados en Camboya en el 2023.

Actividad

Vacunas

Resumen

Los virus de influenza A con potencial pandémico cambian con el tiempo y hay varias cepas nuevas 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 los virus de la influenza a medida que 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 los nuevos virus de influenza A 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. En primer lugar, la cantidad de infecciones en humanos notificadas por los virus A(H5N1) de la HPAI es baja. 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 expuestas o para aquellas monitoreadas en busca de enfermedad después de la exposición a aves silvestres, aves de corral, aves domésticas y otros animales, incluido el ganado lechero, infectados por el virus A(H5N1) de la HPAI en los Estados Unidos. A la fecha de este informe, los conocimientos sobre las infecciones de ganado por el virus A(H5N1) de la HPAI son muy limitados. Por consiguiente, no podemos evaluar el impacto de las variables de exposición, como su duración, naturaleza (p. ej., contacto directo o indirecto) y el uso de equipo de protección personal, sobre el riesgo de infección entre las personas con infección confirmada por el virus A(H5N1) de la HPAI o las que están siendo monitoreadas tras exposiciones a cualquier animal con infección confirmada o presunta por el virus A(H5N1) de la HPAI.



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, aves de corral y esporádicamente en mamíferos, incluido el ganado lechero, 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.
- Tras considerar la prevalencia alta de los virus A(H5N1) de HPAI en aves silvestres y de corral en todo el mundo, se prevé el derrame a mamíferos (incluidos los carnívoros que se alimentan de animales infectados) y otras infecciones zoonóticas esporádicas entre personas con exposición a aves de corral, aves silvestres enfermas o muertas u otros animales infectados.
- 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 de influenza A(H5N1) en aves silvestres y aves de corral en los últimos años, se notificó solo una pequeña cantidad de infecciones esporádicas en humanos por los virus 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 de influenza A(H5N1) 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 y aves de corral infectadas eleva la posibilidad de exposiciones e infecciones 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. Kandeil A, Patton C, Jones JC, Jeevan T, Harrington WN, Trifkovic S et al. Rapid evolution of A(H5N1) influenza viruses after intercontinental spread to North America. *Nat Commun*. 2023 May 29;14(1):3082.
3. 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]  
4. European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control, European Union Reference Laboratory for Avian Influenza. Avian influenza overview March - April 2023. *EFSA J* 2023 Jun 7;21(6):e08039.
5. Ariyama N, Pardo-Roa C, Muñoz G, Aguayo C, Ávila C, Mathieu C, Almonacid LI, Medina RA, Brito B, Johow M, Neira V. Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus in Wild Birds, Chile. *Emerg Infect Dis*. 2023 Sep;29(9):1842-1845. Doi: 10.32/eid2909.230067. Epub 2023 Jul 24. PMID: 37487166; PMCID: PMC10461661
6. Leguia M, Garcia-Glaessner A, Muñoz-Saavedra B, Juárez D, Barrera P, Calvo-Mac C, Jara J, Silva W, Ploog K, Amaro L, Colchao-Claux P, Johnson CK, Uhart MM, Nelson MI, Lescano J. Highly pathogenic avian influenza A (H5N1) in marine mammals and seabirds in Peru. *Nat Commun*. 2023 Sep 7;14(1):5489. Doi: 10.1/s41467-023-41182-0. PMID: 37679333; PMCID: PMC10484921.
7. Pan American Health Organization. Epidemiological Update Outbreaks of avian influenza caused by influenza A(H5N1) in the Region of the Americas. 9 August 2023. <https://www.paho.org/en/documents/epidemiological-update-outbreaks-avian-influenza-caused-influenza-ah5n1-region-americas-0> 
8. Global Avian Influenza Viruses with Zoonotic Potential situation update, 28 March 2024. <https://www.fao.org/animal-health/situation-updates/global-aiv-with-zoonotic-potential/en> 
9. World Organisation for Animal Health. Wildlife under threat as avian influenza reaches Antarctica. 13 March 2024. <https://www.woah.org/en/wildlife-under-threat-as-avian-influenza-reaches-antarctica/> 
10. Keawcharoen J, Oraveerakul K, Kuiken T, Fouchier RAM, Amonsin A, Payungporn S et al. Avian influenza H5N1 in tigers and leopards. *Enfermedades infecciosas emergentes* Diciembre de 2004;10(12):2189-91.
11. Songserm T, Amonsin A, Jam-on R, Sae-Heng N, Pariyothorn N, Payungporn S et al. Fatal avian influenza A H5N1 in a dog. *Emerg Infect Dis*. 2006 Nov;12(11):1744-7.
12. Songserm T, Amonsin A, Jam-on R, Sae-Heng N, Meemak N, Pariyothorn N et al. Avian influenza H5N1 in naturally infected domestic cat. *Emerg Infect Dis*. 2006 Apr;12(4):681-3.
13. 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/> 
14. World Health Organization. Avian Influenza A(H5N1) - United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland. 30 May 2023. Accessed at: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2023-DON468> 
15. Capelastegui F, Smith J, Kumbang J, Humphreys C, Padfield S, Turner J et al. Pilot of asymptomatic swabbing of humans following exposures to confirmed avian influenza A(H5) in avian species in England, 2021/2022. *Influenza Other Respir Viruses*. 2023 Aug 23;17(8):e13187. Doi: 10.11/irv.13187 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37638093/> 
16. UK Health Security Agency. Investigation into the risk to human health of avian influenza (influenza A H5N1) in England: technical briefing 5. Updated 14 July 2023. Accessed at: [Investigation into the risk to human health of avian influenza \(influenza A H5N1\) in England: technical briefing 5 - GOV.UK \(www.gov.uk\)](https://www.gov.uk/government/consultations/investigation-into-the-risk-to-human-health-of-avian-influenza-influenza-a-h5n1-in-england-technical-briefing-5) 
17. 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.
18. 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.

19. 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.
20. Actualización técnica: Análisis del resumen de las secuencias genéticas de los virus de influenza aviar A(H5N1) altamente patógenos en Texas. 2 de abril del 2024. Accessed at: <https://www.cdc.gov/flu/avianflu/spotlights/2023-2024/h5n1-analysis-texas.htm>
21. Infecciones en seres humanos por el virus A(H5N1) de la forma altamente patógena de la influenza aviar en Chile. Ingresar a: <https://www.cdc.gov/flu/avianflu/spotlights/2022-2023/chile-first-case-h5n1-addendum.htm>
22. 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.
23. 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.
24. 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/>
25. World Health Organization. Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003-2024, 28 March 2024. Accessed at: [https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a\(h5n1\)-reported-to-who-2003-2024-28-march-2024](https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a(h5n1)-reported-to-who-2003-2024-28-march-2024) 
26. 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/>
27. 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/>
28. WHO Disease Outbreak News. 2006 - Indonesia. 31 May 2006. Accessed at: https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2006_05_31-en 
29. World Health Organization. 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.

Recursos

- [Cómo están monitoreando los CDC los datos de la influenza entre las personas para comprender mejor la situación actual de la influenza aviar A\(H5N1\) | Influenza aviar](#)
- [Virus de la influenza aviar A \(H5N1\) altamente patógena en animales: Recomendaciones provisionales para la prevención, el monitoreo y las investigaciones de salud pública | Influenza aviar \(gripe aviar\) \(cdc.gov\)](#)
- [Definiciones de caso para investigaciones de infección en seres humanos por los virus A de la influenza aviar en los Estados Unidos](#)
- [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 | Influenza aviar \(gripe aviar\) \(cdc.gov\)](#)
- [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](#)

Informes técnicos previos sobre el H5N1

[Informe técnico: Virus de la influenza aviar A\(H5N1\) altamente patógena \(cdc.gov\) - 29 de diciembre del 2023](#)

[Informe técnico: Virus de la influenza aviar A\(H5N1\) altamente patógena \(cdc.gov\) - 27 de octubre del 2023](#)

[Informe técnico: Virus de la influenza aviar A\(H5N1\) altamente patógena \(cdc.gov\) - 5 de octubre del 2023](#)

[Informe técnico: Virus de la influenza aviar A\(H5N1\) altamente patógena \(cdc.gov\) - 7 de julio del 2023](#)

[Anexo: Infección en seres humanos por el virus A\(H5N1\) de la influenza aviar altamente patógena en Chile \(cdc.gov\) - 17 de abril del 2023](#)

[Informe técnico: Virus de la influenza aviar A\(H5N1\) altamente patógena \(cdc.gov\) - 17 de marzo del 2023](#)

Información adicional

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

[Infecciones por el nuevo virus de influenza A \(cdc.gov\)](#) Un 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 2024](#)

[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 !\[\]\(2bae76de5ebbd5c4d7d47162f1673734_img.jpg\) \[986 KB, 6 páginas\] !\[\]\(c8d5e2ee847d658b2a7eb88bf9ce84ac_img.jpg\)](#)

[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 !\[\]\(b64b40baaee5acddc1eab8538ba84754_img.jpg\) \[353 KB, 18 páginas\] !\[\]\(f1009ec4c244bb185d08b1dfae838c51_img.jpg\)](#)

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: 26 de abril del 2024