2026

# *INFORME TÉCNICO*

*Integración de la vigilancia epidemiológica y genómica de la influenza aviar altamente patógena en Brasil*



**Ministerio de Agricultura y Ganadería - MAPA**

Ministerio de Agricultura y Ganadería

Secretaría de Defensa Agropecuaria

# INFORME TÉCNICO

## Integración de la vigilancia epidemiológica y genómica de la influenza aviar altamente patógena en Brasil

**MISIÓN DEL MAPA:**

*"Promover el desarrollo sostenible*

*de las cadenas productivas agropecuarias,*

*en beneficio de la sociedad brasileña"*

Brasilia

MAPA

2026

© 2026 Ministerio de Agricultura y Ganadería.

Todos los derechos reservados. Se permite la reproducción parcial o total siempre y cuando se cite la fuente y no sea para venta o cualquier fin comercial. La responsabilidad de los derechos de autor de los textos e imágenes de esta obra es del autor.

1.ª edición. Año 2026

Distribución e información:
Ministerio de Agricultura y Ganadería
Secretaría de Defensa Agropecuaria
Departamento de Sanidad Animal
Coordinación de Sanidad Avícola
Dirección: «Esplanada dos Ministérios, Bloco D, Anexo Ala A, 3º andar, sala 322»
Cod. Postal (CEP): 70.043-900 - Brasilia/DF
e-mail: pnsa@agro.gov.br
Ilustraciones y fotografías de Canva

Elaboración:
Denise Russi Rodrigues

Análisis genómicos:
Anselmo V. Rivetti Jr.

Revisión técnica:
Ana Laura Grazziotin
Daniela de Queiroz Baptista
Dilmara Reischak
Daniela Pacheco de Lacerda

Edición y maquetación:
Emanuel Monteiro de Barros

FICHA CATALOGRÁFICA

# ÍNDICE

GLOSARIO ..... 7
LISTA DE SIGLAS ..... 9
INTRODUCCIÓN ..... 10
CAPÍTULO 1 ..... 11
Sistema de vigilancia de la influenza aviar ..... 11
1.1 Introducción ..... 11
1.2 Programa nacional de sanidad avícola ..... 12
1.3 Organización del sistema nacional de vigilancia ..... 13
1.4 Plan Nacional de Vigilancia de la Influenza Aviar ..... 13
1.4.1 Vigilancia pasiva ..... 14
1.4.2 Vigilancia activa ..... 15
1.5 Red oficial de laboratorios ..... 15
1.6 Integración de la vigilancia ..... 16
CAPÍTULO 2 ..... 18
Vigilancia genómica de la influenza aviar en Brasil: implementación y aplicaciones 18
2.1 Introducción ..... 18
2.2 Justificación para implementar la vigilancia genómica ..... 18
2.3 Objetivos de la vigilancia genómica ..... 20
2.4 Flujo operativo de la vigilancia genómica ..... 20
CAPÍTULO 3 ..... 22
Vigilancia epidemiológica de la influenza aviar en Brasil: resultados ..... 22
3.1 Introducción ..... 22
3.2 Introducción del virus en el territorio nacional ..... 22
3.3 Evolución cronológica de los focos ..... 22
3.4 Situación epidemiológica durante el periodo analizado ..... 23
3.5 Evolución temporal ..... 24
3.6 Distribución geográfica ..... 26
3.7 Distribución por especies ..... 29
CAPÍTULO 4 ..... 35
Vigilancia genómica de la influenza aviar en Brasil: resultados ..... 35
4.1 Introducción ..... 35

4.2 Secuenciación de los virus detectados .....35
4.3 Caracterización genética .....36
4.4 Origen probable de los virus .....37
4.5 Genotipos identificados .....41
4.6 Mutaciones genéticas y marcadores de adaptación .....42
CAPÍTULO 5 .....46
Integración de datos epidemiológicos y genómicos .....46
5.1 Introducción .....46
5.2 Estructura de la integración de datos .....46
5.3 Origen y eventos de introducción .....48
5.4 Dispersión del virus e interfaces ecológicas .....48
5.5 Relación entre la diversidad genómica y el comportamiento epidemiológico .....50
5.6 Reducción de la incertidumbre .....51
CAPÍTULO 6 .....52
Aplicaciones y perspectivas de la integración de la vigilancia epidemiológica y genómica para el fortalecimiento del Servicio Veterinario Oficial .....52
6.1 Introducción .....52
6.2 Integración de evidencias y mejora de la vigilancia .....52
6.3 Perspectivas .....54
CAPÍTULO 7 .....56
Consideraciones finales .....56
Referencias .....58
ANEXOS .....60

# GLOSARIO

| | |
|---|---|
| **Amplificación ecológica** | Proceso mediante el cual, tras la introducción de un agente infeccioso en una determinada región o población, su circulación se extiende entre diferentes especies o comunidades que comparten ambientes y recursos, lo que aumenta las oportunidades de transmisión y exposición. |
| **Análisis filogenético** | Análisis de las relaciones evolutivas entre secuencias genéticas que permite evaluar el grado de proximidad entre virus e identificar grupos genéticamente relacionados. |
| **Árbol filogenético** | Representación gráfica de las relaciones evolutivas entre secuencias genéticas que permite visualizar agrupamientos y relaciones de ascendencia común entre los virus analizados. |
| **Bootstrap** | Medida estadística que permite evaluar el grado de respaldo de los agrupamientos observados en un árbol filogenético. Los valores más elevados indican un mayor respaldo para un determinado agrupamiento. |
| **Clado** | Grupo de virus genéticamente relacionados que comparten un ancestro común. En este informe, los virus H5N1 detectados pertenecen al clado 2.3.4.4b. |
| **Distancia genética** | Medida de las diferencias entre secuencias genéticas que permite evaluar el grado de similitud o divergencia entre virus. |
| **Genoma completo** | Conjunto completo del material genético de un organismo o virus. En el virus de la influenza A, corresponde a los ocho segmentos de ARN viral. |
| **Genotipo** | Clasificación basada en la combinación de los segmentos genómicos que componen un determinado virus de la influenza. Los virus pertenecientes al mismo clado pueden presentar diferentes genotipos. |
| **Hospedador puente** | Especie capaz de establecer una conexión epidemiológica entre poblaciones o ambientes que normalmente mantienen un contacto limitado, lo que favorece la transmisión del agente infeccioso. |

| | |
|---|---|
| **Interfaz ecológica** | Situación o ambiente en el que diferentes especies o poblaciones comparten espacios, recursos u otras condiciones que posibilitan la exposición directa o indirecta al agente infeccioso. |
| **Inteligencia epidemiológica** | Proceso de integración, análisis e interpretación de datos procedentes de diferentes fuentes para generar información que respalde la evaluación de riesgos y la toma de decisiones del SVO. |
| **Linaje viral** | Grupo de virus genéticamente relacionados que comparten una historia evolutiva común. |
| **Marcador molecular** | Alteración o característica genética identificable que puede estar asociada con una determinada característica biológica, como la adaptación a hospedadores, la patogenicidad o la sensibilidad a los antivirales. |
| **Mutación** | Alteración en la secuencia genética del virus que puede o no provocar cambios en sus características biológicas. |
| **NGS (*Next-Generation Sequencing*)** | Secuenciación genética de nueva generación; Conjunto de tecnologías que permiten determinar simultáneamente una gran cantidad de secuencias genéticas y obtener, entre otras aplicaciones, el genoma completo del virus. |
| **Reordenamiento genético (*reassortment*)** | Proceso característico de los virus con genoma segmentado, como el virus de la influenza A, en el que los segmentos genómicos de distintos virus pueden combinarse cuando infectan simultáneamente a un mismo hospedador, lo que da origen a una nueva constelación genómica. |
| **Secuenciación genómica** | Proceso de determinación de la secuencia del material genético viral que permite caracterizar los segmentos genómicos y realizar análisis comparativos, filogenéticos y de mutaciones. |
| **Similitud genética** | Grado de semejanza entre las secuencias genéticas de dos o más virus. Una elevada similitud genética puede respaldar hipótesis epidemiológicas, pero no demuestra por sí sola la transmisión directa. |
| **Spillover** | Evento de transmisión de un agente infeccioso de una especie o población hospedadora a otra especie. |

# LISTA DE SIGLAS

| Sigla | Significado |
|---|---|
| **AGID** | Inmunodifusión en gel de agar |
| **CVP** | Comisión Veterinaria Permanente del Cono Sur |
| **DSA** | Departamento de Sanidad Animal |
| **FAO** | Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura |
| **IA** | Influenza aviar |
| **IAAP** | Influenza aviar de alta patogenicidad |
| **LFDA** | Laboratorio Federal de Defensa Agropecuaria |
| **MAPA** | Ministerio de Agricultura y Ganadería |
| **MMA** | Ministerio de Medio Ambiente y Cambio Climático |
| **OMSA (WOAH)** | Organización Mundial de Sanidad Animal |
| **OFFLU** | Red Conjunta FAO/OMSA de Expertos en Influenza Animal |
| **PANAFTOSA** | Centro Panamericano de Fiebre Aftosa y Salud Pública Veterinaria |
| **PNSA** | Programa Nacional de Sanidad Avícola |
| **RT-PCR** | Reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa en tiempo real |
| **SDA** | Secretaría de Defensa Agropecuaria |
| **SVO** | Servicio Veterinario Oficial |
| **SVE** | Servicio Veterinario Estatal |

# INTRODUCCIÓN

La influenza aviar altamente patógena (IAAP) representa una de las principales amenazas sanitarias para la avicultura mundial, lo que exige sistemas de vigilancia capaces de detectar tempranamente la circulación viral, comprender su dinámica epidemiológica y respaldar respuestas rápidas y basadas en evidencias.

Desde 2020, ante la intensificación de la circulación mundial de los virus de la IAAP, impulsada por la propagación del virus H5 del clado 2.3.4.4b, y el consiguiente aumento de la presión de infección en las poblaciones de aves silvestres, el Ministerio de Agricultura y Ganadería (MAPA) ha fortalecido en Brasil la vigilancia epidemiológica, la capacidad de diagnóstico de laboratorio, la investigación de sospechas y focos y la preparación ante emergencias zoosanitarias.

Paralelamente, la incorporación de la genómica a la vigilancia de la influenza aviar permitió ampliar los conocimientos sobre el origen, la evolución y la diversidad genética de los virus circulantes. Más allá de la caracterización genética de los virus, la experiencia brasileña demostró el potencial de integrar la epidemiología y la genómica para respaldar las evaluaciones de riesgos, orientar las estrategias de vigilancia basada en riesgos y fortalecer la preparación ante emergencias sanitarias. Esta integración también se convirtió en una herramienta importante para apoyar la toma de decisiones del Servicio Veterinario Oficial (SVO).

Este informe reúne la experiencia brasileña y los principales hallazgos de la vigilancia oficial derivados de la integración de datos epidemiológicos y genómicos entre mayo de 2023 y julio de 2026. Presenta los resultados de este enfoque, sus aplicaciones y su potencial para comprender la dinámica de la IAAP y fortalecer la actuación del SVO. También analiza las perspectivas para mejorar la vigilancia, en consonancia con los principios de Una Sola Salud.

Asimismo, los datos presentados en este informe ponen de manifiesto el compromiso del MAPA con la innovación, la excelencia técnica y el fortalecimiento continuo del SVO. Se espera que la información recopilada contribuya no solo a mejorar las acciones nacionales, sino también a fomentar el intercambio interinstitucional de conocimientos y consolidar la cooperación internacional para hacer frente a la influenza aviar y otras enfermedades transfronterizas de los animales.

# CAPÍTULO 1

# Sistema de vigilancia de la influenza aviar

## 1.1 Introducción

Brasil cuenta con uno de los mayores sistemas de producción avícola del mundo y ocupa una posición destacada en la producción y exportación de carne de pollo y productos avícolas. Mantener la condición sanitaria de la avicultura nacional requiere un sistema de vigilancia capaz de detectar tempranamente enfermedades de importancia económica y para la salud pública, implementar medidas de respuesta oportunas y demostrar continuamente la ausencia de circulación de agentes patógenos de notificación obligatoria en la producción comercial.

Entre estas enfermedades, la IAAP representa uno de los principales desafíos para el SVO debido a su elevada capacidad de propagación, la amplia variedad de hospedadores susceptibles y las repercusiones sanitarias, económicas, ambientales y comerciales derivadas de su aparición.

Además de proteger la avicultura, la vigilancia de la IAAP reviste importancia estratégica para la salud pública, la conservación de la biodiversidad, la protección ambiental y el mantenimiento del comercio internacional. En este contexto, la vigilancia de la influenza aviar constituye uno de los principales instrumentos nacionales de prevención, preparación y respuesta, y se fundamenta en la integración de la vigilancia epidemiológica, de laboratorio, genómica y ecológica.

El Programa Nacional de Sanidad Avícola (PNSA), que forma parte de la estructura del Departamento de Sanidad Animal (DSA), se organiza en torno a estrategias complementarias de vigilancia basada en riesgos, diagnóstico de laboratorio, investigación epidemiológica, aplicación de medidas de bioseguridad y respuesta rápida ante emergencias zoosanitarias. La actuación coordinada del MAPA, los Servicios Veterinarios Estatales (SVE) [de los estados federados de Brasil], la red oficial de laboratorios y el sector productivo constituye uno de los pilares para mantener la condición sanitaria de la avicultura brasileña y preservar la credibilidad del país ante los mercados internacionales.

Los siguientes apartados presentan la organización del sistema de vigilancia de la influenza aviar, incluida su estructura institucional, las estrategias de vigilancia pasiva y activa, la red oficial de laboratorios y la incorporación de la genómica a las actividades de vigilancia. La actuación integrada de estos componentes fortalece la capacidad del SVO para detectar tempranamente la circulación viral, monitorear la

situación epidemiológica, investigar eventos sanitarios, caracterizar los virus circulantes y generar evidencias que respalden la evaluación de riesgos, la toma de decisiones y la formulación de políticas públicas orientadas a la prevención, preparación y respuesta ante emergencias zoosanitarias.

## 1.2 Programa nacional de sanidad avícola

Creado en 1994, el PNSA constituye uno de los principales instrumentos de la política nacional de sanidad animal y establece directrices para la prevención, vigilancia, control y respuesta frente a las principales enfermedades que afectan a la avicultura brasileña.

Desde su creación, el programa ha experimentado mejoras continuas y ha consolidado una estructura integrada de vigilancia epidemiológica, monitoreo sanitario, diagnóstico de laboratorio, certificación sanitaria, medidas de bioseguridad y preparación ante emergencias zoosanitarias. Esta evolución permitió fortalecer la capacidad del SVO para prevenir la introducción y propagación de enfermedades sujetas a control oficial, preservar el patrimonio avícola nacional y garantizar la credibilidad sanitaria de Brasil ante los mercados internacionales.

Entre sus principales objetivos destacan:

- Prevenir y controlar las enfermedades de interés para la avicultura y la salud pública;
- Definir acciones que permitan la certificación sanitaria de la población avícola nacional;
- Favorecer la obtención de productos avícolas saludables para los mercados interno y externo.

Las principales enfermedades sujetas a control oficial por el PNSA son:

- Influenza aviar - País libre, con un único foco en aves comerciales en mayo de 2025;
- Enfermedad de *Newcastle* - País libre, con el último foco en aves comerciales registrado en junio de 2024;
- Salmonellas – *Salmonella Gallinarum, Salmonella Pullorum, Salmonella Enteritidis, Salmonella Typhimurium* y salmonelas monofásicas;
- Micoplasmas – *Mycoplasma gallisepticum, Mycoplasma synoviae* y *Mycoplasma meleagridis* (pavos).

Las acciones del PNSA se desarrollan mediante la actuación conjunta del MAPA, responsable de coordinar las políticas y directrices técnicas nacionales, y los SVE, encargados de ejecutar las actividades de vigilancia, atender las sospechas, realizar investigaciones epidemiológicas, tomar muestras, implementar medidas sanitarias y llevar a cabo acciones de inspección y verificación oficial en campo.

## 1.3 Organización del sistema nacional de vigilancia

La vigilancia de la influenza aviar se organiza de manera descentralizada e integrada, mediante la actuación coordinada del MAPA y los SVE en los diferentes niveles de ejecución del SVO.

En el ámbito federal, corresponde al DSA coordinar técnicamente las acciones nacionales, elaborar normas y directrices, realizar evaluaciones de riesgos, coordinar las respuestas ante emergencias sanitarias y, entre otras funciones, representar al país ante organismos internacionales.

Las Superintendencias Federales de Agricultura y Ganadería desempeñan funciones de coordinación regional, seguimiento de las actividades que realizan los estados y articulación entre el nivel central y los SVE.

Los SVE constituyen la estructura operativa del sistema y se encargan de ejecutar las actividades en campo, entre estas:

- vigilancia pasiva;
- vigilancia activa;
- investigación epidemiológica;
- toma de muestras;
- inspección y verificación oficial;
- aplicación de medidas sanitarias;
- atención de las notificaciones;
- educación sanitaria.

La integración de estos componentes permite detectar rápidamente los eventos sanitarios y aplicar las medidas de respuesta de manera coordinada.

## 1.4 Plan Nacional de Vigilancia de la Influenza Aviar

En 2022, el Departamento de Sanidad Animal (DSA) del MAPA realizó una revisión técnica y epidemiológica de las estrategias nacionales de vigilancia de la influenza aviar y la enfermedad de Newcastle (ENC). Como resultado, se estableció el nuevo Plan Nacional de Vigilancia, diseñado para fortalecer la capacidad de detección temprana, el monitoreo continuo, la prevención de la introducción y la respuesta ante la propagación de estas enfermedades en el territorio nacional.

El Plan Nacional se organiza en diferentes componentes de vigilancia que abarcan las aves domésticas comerciales, las aves de traspatio, las aves silvestres y los compartimentos avícolas certificados, lo que permite orientar las estrategias de vigilancia según el riesgo epidemiológico de cada población objetivo.

La vigilancia de la influenza aviar se fundamenta en la integración de la vigilancia pasiva y activa, el diagnóstico de laboratorio, la vigilancia genómica y la evaluación de riesgos. Este enfoque permite analizar de manera complementaria la información procedente de diferentes fuentes, ampliar los conocimientos sobre la dinámica epidemiológica de la enfermedad y respaldar la toma de decisiones basadas en evidencias.

### 1.4.1 Vigilancia pasiva

La vigilancia pasiva constituye el principal mecanismo de detección temprana de la IAAP en Brasil y comprende el **Componente 1** – **Vigilancia de aves domésticas** y el **Componente 2 – Vigilancia de aves silvestres** del Plan Nacional de Vigilancia de la Influenza Aviar y la ENC.

La vigilancia pasiva es una estrategia basada en eventos que consiste en identificar e investigar situaciones sanitarias inusuales, como el aumento de la mortalidad, las alteraciones clínicas u otras manifestaciones compatibles con la influenza aviar.

Esta estrategia se basa en la notificación inmediata de sospechas clínicas o epidemiológicas por parte de productores, médicos veterinarios, organismos ambientales, instituciones de investigación, laboratorios y otros actores involucrados en la cadena productiva y la vigilancia de la fauna silvestre.

El SVO investiga todas las sospechas mediante procedimientos estandarizados que incluyen la investigación epidemiológica, la inspección clínica, la toma de muestras, su envío al laboratorio oficial y la adopción de las medidas sanitarias correspondientes.

Al abarcar tanto las aves domésticas como las silvestres, la vigilancia pasiva constituye el componente de mayor sensibilidad para identificar eventos sanitarios inesperados, especialmente aquellos asociados con el aumento de la mortalidad o la aparición de signos clínicos compatibles con el síndrome respiratorio y nervioso de las aves (SRN). De acuerdo con el enfoque sindrómico adoptado, las notificaciones que cumplen los criterios de sospecha se investigan para detectar influenza aviar y ENC mediante pruebas de diagnóstico de laboratorio simultáneas para ambas enfermedades, lo que permite confirmarlas o descartarlas en el marco de una misma investigación.

Los procedimientos para atender las sospechas están estandarizados en la **Ficha Técnica de la Influenza Aviar**, disponible en https://sisbravet.agro.gov.br/ficha-tecnica/publica/consultar.

Para garantizar la transparencia y difundir la información generada por la vigilancia pasiva, el MAPA pone a disposición el **Panel de Vigilancia de la Influenza Aviar y la Enfermedad de *Newcastle*** **https://mapa-indicadores.agricultura.gov.br/publico/extensions/SRN/SRN.html**, que reúne y presenta datos actualizados sobre las investigaciones y los focos confirmados de estas enfermedades en el país, lo que permite realizar un seguimiento de su distribución temporal y geográfica, así como de las poblaciones y especies afectadas. La información disponible en este panel constituye una fuente oficial de consulta pública sobre la aparición de influenza aviar en Brasil y se utilizó como una de las fuentes de datos para elaborar los análisis epidemiológicos y genómicos presentados en este informe.

### 1.4.2 Vigilancia activa

La vigilancia activa complementa la vigilancia pasiva mediante la toma sistemática y planificada de muestras en poblaciones previamente definidas, lo que permite monitorear continuamente la circulación viral incluso en ausencia de signos clínicos.

En Brasil, las acciones incluyen el monitoreo sanitario de establecimientos avícolas comerciales de producción industrial y a pequeña escala, aves de traspatio y compartimentos avícolas certificados, con criterios epidemiológicos para seleccionar los establecimientos y las unidades de muestreo.

La adopción de metodologías de vigilancia basada en riesgos permite concentrar los esfuerzos en áreas geográficas, sistemas de producción y poblaciones con mayor probabilidad de exposición al virus, lo que aumenta la eficiencia operativa y la sensibilidad del sistema para la detección temprana.

Entre 2022 y 2026, la vigilancia dio lugar a más de 320 mil análisis de laboratorio para la IAAP y la ENC, lo que demuestra la solidez de la vigilancia oficial y su capacidad para monitorear continuamente la situación sanitaria de la avicultura brasileña.

## 1.5 Red oficial de laboratorios

La red oficial de laboratorios para el diagnóstico de la influenza aviar está integrada por los Laboratorios Federales de Defensa Agropecuaria (LFDA) y los laboratorios acreditados por el MAPA, que trabajan de manera coordinada para apoyar las acciones de vigilancia, monitoreo y respuesta ante emergencias zoosanitarias.

Los LFDA se encargan del diagnóstico oficial, la confirmación y la caracterización de los agentes etiológicos mediante pruebas de laboratorio, que

incluyen pruebas moleculares, aislamiento viral, caracterización antigénica y genética, así como secuenciación genómica de los virus de la influenza aviar en el marco de la vigilancia pasiva y activa. Por su parte, los laboratorios acreditados realizan únicamente pruebas de tamizaje en el marco de la vigilancia activa (las pruebas confirmatorias se realizan en los LFDA) y desempeñan un papel fundamental en la certificación de los compartimentos avícolas y el cumplimiento de los requisitos sanitarios para la exportación.

El LFDA de São Paulo (LFDA-SP) es un Centro de Referencia de la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) y también un Laboratorio de Referencia de la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA/WOAH) para la influenza aviar. Por lo tanto, el LFDA-SP desempeña un papel estratégico en la vigilancia y se encarga de la confirmación diagnóstica, la caracterización de los virus circulantes, la secuenciación genómica y el apoyo técnico-científico a las investigaciones epidemiológicas.

En el marco de la vigilancia genómica, durante el primer año de la emergencia sanitaria, el LFDA de Goiás (LFDA-GO) también participó en distintas etapas del protocolo de secuenciación genómica, en coordinación con la red oficial de laboratorios. Con la ampliación y consolidación de la capacidad instalada, actualmente el LFDA-SP y el Laboratorio Federal de Defensa Agropecuaria de Minas Gerais (LFDA-MG) realizan íntegramente el proceso de secuenciación del genoma viral y los análisis bioinformáticos, lo que permite obtener genomas completos y caracterizar molecularmente los virus detectados.

La ampliación de la capacidad de diagnóstico y análisis genómico de la red oficial de laboratorios durante los últimos años incrementó la generación de información estratégica para el SVO, lo que contribuyó a las investigaciones epidemiológicas, la caracterización de las introducciones virales, la comprensión de los patrones de circulación y dispersión del virus y las evaluaciones de riesgos.

Con la incorporación y el avance de las herramientas de diagnóstico y caracterización molecular en las actividades oficiales habituales, la secuenciación completa del genoma viral se consolidó como una herramienta complementaria para la investigación epidemiológica. La estructura de la vigilancia genómica y sus aplicaciones en el marco de la vigilancia nacional de la influenza aviar se presentan detalladamente en el capítulo 3.

## 1.6 Integración de la vigilancia

Aunque en este documento se describen por separado con fines didácticos, la vigilancia pasiva y la activa de la influenza aviar son componentes que actúan de manera integrada para lograr una detección temprana. La detección de sospechas en campo, la investigación epidemiológica, el diagnóstico de laboratorio, la caracterización genómica y la evaluación de riesgos constituyen etapas

complementarias de un mismo proceso de generación de inteligencia epidemiológica. Esta integración permite ampliar la capacidad del SVO para comprender la dinámica de la enfermedad, reducir la incertidumbre en las investigaciones y respaldar decisiones técnicas y estratégicas orientadas a la prevención, preparación y respuesta ante emergencias zoosanitarias.

# CAPÍTULO 2

# Vigilancia genómica de la influenza aviar en Brasil: implementación y aplicaciones

## 2.1 Introducción

La confirmación de los primeros focos de IAAP en Brasil, en mayo de 2023, representó un hito para la vigilancia de la sanidad animal y puso de manifiesto la necesidad de ampliar la capacidad del SVO para comprender la dinámica epidemiológica del virus introducido en el país. Aunque la investigación epidemiológica tradicional proporciona información esencial sobre la aparición de focos, las especies afectadas, la ubicación geográfica y los posibles factores de riesgo, diversas cuestiones relacionadas con el origen de los virus, los eventos de introducción y su evolución genética solo pueden responderse mediante la vigilancia genómica.

A diferencia del uso de la secuenciación genética exclusivamente con fines de caracterización molecular, la estrategia adoptada por el MAPA se basó en la integración de la genómica y la epidemiología, con el propósito de incorporar los hallazgos de laboratorio a la interpretación de los eventos sanitarios y ampliar los conocimientos sobre los posibles orígenes, las relaciones epidemiológicas y la dinámica de dispersión de los virus detectados en el país.

## 2.2 Justificación para implementar la vigilancia genómica

La actual panzootia causada por el virus H5N1 del clado 2.3.4.4b se caracteriza por una elevada diversidad genética, múltiples eventos independientes de introducción entre continentes y frecuentes procesos de reordenamiento genético, por lo que el uso exclusivo de la información epidemiológica tradicional resulta insuficiente para comprender su dinámica de circulación.

La complejidad epidemiológica de la enfermedad, asociada con la amplia dispersión del virus por las aves migratorias, su capacidad de adaptación a diferentes especies hospedadoras y la aparición de casos en mamíferos silvestres y domésticos, hizo necesario utilizar herramientas de genómica y bioinformática para abordar cuestiones estratégicas para el SVO, tales como:

- ¿Los virus detectados están relacionados con un mismo evento de introducción o representan eventos independientes?

- ¿Existen evidencias de propagación secundaria entre establecimientos o regiones?
- ¿Cuál es el origen probable de los virus detectados?
- ¿Cómo evolucionan los virus a lo largo del tiempo?
- ¿Circulan nuevos linajes en América del Sur?
- ¿Los virus detectados están asociados con diferentes especies hospedadoras?
- ¿Cómo puede contribuir esta información a las evaluaciones de riesgos y orientar la vigilancia?

La vigilancia genómica se incorporó precisamente para ayudar a responder estas preguntas y aportar evidencias adicionales a las investigaciones epidemiológicas.

Cuadro 1. Aplicaciones de la vigilancia genómica para apoyar la investigación epidemiológica y la toma de decisiones del Servicio Veterinario Oficial.

| Pregunta epidemiológica | Contribución de la vigilancia genómica | Aplicación para el Servicio Veterinario Oficial |
|---|---|---|
| **¿De dónde provino el virus?** | Los análisis filogenéticos y la comparación con secuencias nacionales e internacionales permiten identificar el origen probable del virus y su relación con los linajes circulantes en otros países. | Apoya la identificación de posibles vías de introducción y respalda las evaluaciones de riesgos. |
| **¿El virus experimentó mutaciones relevantes?** | La comparación de genomas completos permite identificar mutaciones, deleciones, inserciones y otros eventos evolutivos. | Permite monitorear la evolución viral e identificar alteraciones con posibles repercusiones en la adaptación a nuevos hospedadores, la patogenicidad, la transmisión y la sensibilidad a los antivirales, lo que contribuye a la evaluación de riesgos en el contexto de Una Sola Salud. |
| **¿El foco representa una nueva introducción o un evento relacionado con otro foco?** | Comparación de genotipos, árboles filogenéticos y distancias genéticas entre los virus. | Ayuda a diferenciar las introducciones independientes de posibles eventos de propagación secundaria. |
| **¿Podría haberse producido una propagación entre establecimientos?** | Elevada similitud genética entre virus, interpretada junto con información epidemiológica, temporal y espacial. | Complementa la investigación epidemiológica y refuerza las conclusiones sobre posibles cadenas de transmisión. |

| | | |
|---|---|---|
| **¿Cómo evoluciona el virus a lo largo del tiempo?** | Secuenciación completa del genoma, análisis de variantes, análisis filogenéticos y monitoreo continuo de los linajes circulantes. | Permite realizar un seguimiento de los cambios evolutivos y actualizar las evaluaciones de riesgos. |
| **¿Circulan nuevos linajes o genotipos?** | Monitoreo genómico continuo y comparación con bases de datos internacionales. | Detecta tempranamente nuevas introducciones y respalda las estrategias de vigilancia y preparación. |
| **¿Los diferentes focos están relacionados epidemiológicamente?** | Integración de la distancia genética, la posición filogenética, la cronología de los eventos y la ubicación geográfica. | Apoya la reconstrucción de la dinámica de propagación y la interpretación de las investigaciones sobre el terreno. |
| **¿Es necesario ajustar las estrategias de vigilancia?** | La integración de información genómica, epidemiológica y ecológica permite adoptar un enfoque de vigilancia que tiene en cuenta los riesgos, las rutas de propagación espacial y los patrones de circulación viral. | Orienta la vigilancia basada en riesgos y la selección de áreas y, si es necesario, de especies prioritarias. |

### 2.3 Objetivos de la vigilancia genómica

La vigilancia genómica se implementó con los siguientes objetivos:

- complementar la vigilancia epidemiológica mediante la caracterización del virus y la reconstrucción de la dinámica de propagación, así como orientar la respuesta ante los eventos sanitarios;
- caracterizar genéticamente los virus detectados en Brasil;
- identificar los posibles orígenes y vías de introducción del virus;
- evaluar la relación entre diferentes focos y eventos de infección;
- monitorear la evolución genética de los linajes circulantes, así como la introducción de nuevas variantes virales;
- identificar cambios genéticos asociados con la adaptación a diferentes hospedadores;
- detectar eventos de reordenamiento genético y la aparición de nuevos genotipos;
- integrar la información genómica en las investigaciones epidemiológicas;
- respaldar las evaluaciones de riesgos;
- fortalecer la vigilancia basada en evidencias e integrada en el enfoque de Una Sola Salud.

### 2.4 Flujo operativo de la vigilancia genómica

La vigilancia genómica se estructuró como una extensión del proceso de investigación epidemiológica. Así, en el flujo operativo, tras la confirmación de laboratorio de la infección

por el virus de la IAAP, las muestras que cumplen los criterios de calidad se someten a la secuenciación completa del genoma viral.

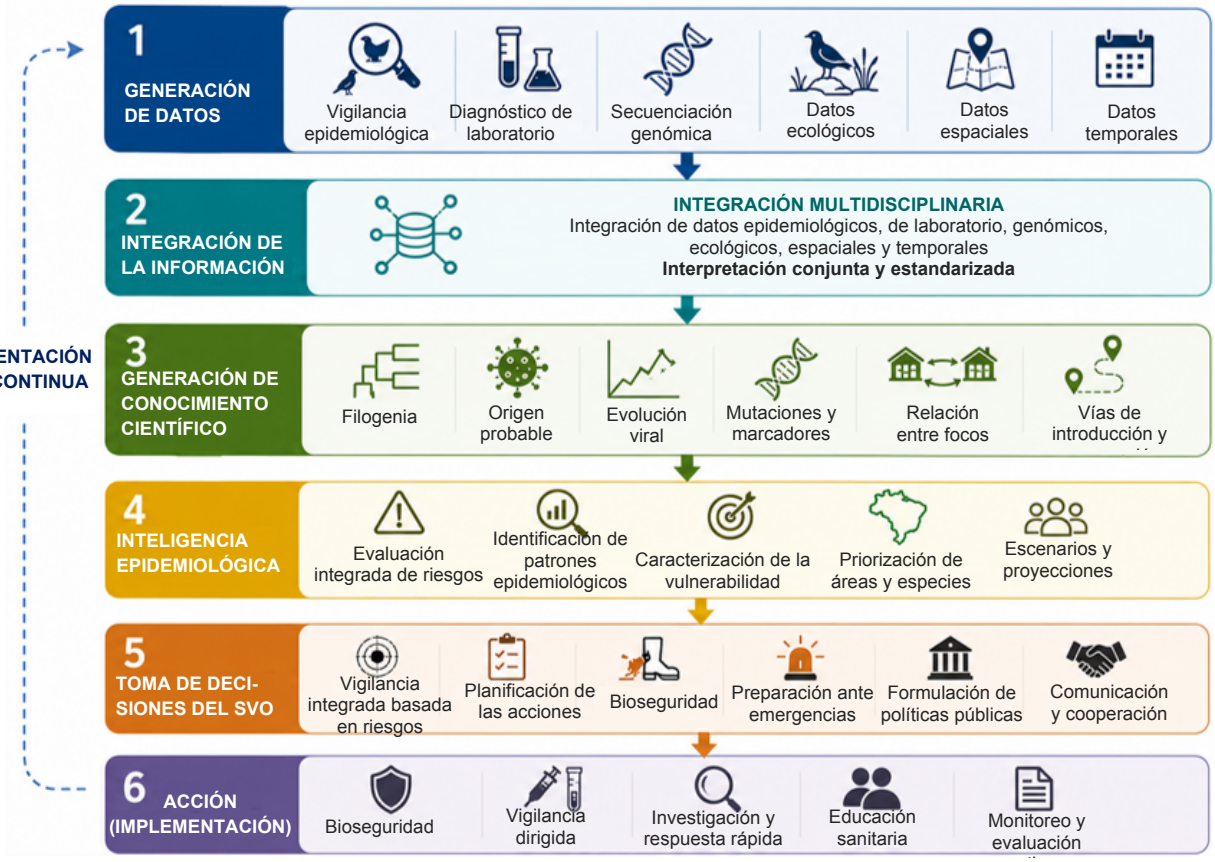
Los datos obtenidos de la secuenciación se procesan mediante análisis bioinformáticos, como el ensamblaje del genoma, la identificación de los segmentos virales, la determinación del genotipo, la realización de análisis filogenéticos y la comparación con secuencias disponibles en bases de datos internacionales.

Posteriormente, los resultados genómicos se integran con la información epidemiológica, que incluye:

- especie hospedadora;
- ubicación geográfica;
- fecha de detección;
- características del foco;
- factores de riesgo identificados;
- antecedentes epidemiológicos.

Esta integración permite interpretar de manera más amplia la dinámica de introducción, circulación y evolución de los virus.

Figura 1. Modelo conceptual de la integración de la vigilancia epidemiológica y genómica



# CAPÍTULO 3

# Vigilancia epidemiológica de la influenza aviar en Brasil: resultados

## 3.1 Introducción

La confirmación de los primeros focos de IAAP en Brasil marcó el inicio de una nueva etapa para el SVO, caracterizada por la necesidad de monitorear continuamente la circulación viral en un territorio de dimensiones continentales que alberga una de las mayores poblaciones avícolas del mundo. Desde entonces, la vigilancia consolidó una amplia variedad de información procedente de las notificaciones y las investigaciones realizadas en aves silvestres y domésticas. Estos datos han permitido realizar un seguimiento de la evolución temporal y espacial de la enfermedad, identificar cambios en el perfil de las especies y los ambientes afectados y ampliar los conocimientos sobre la dinámica ecológica y epidemiológica del virus en el territorio nacional.

Durante el periodo analizado, se observó que el patrón epidemiológico de la IAAP en Brasil no permaneció estático. La fase inicial de la emergencia se caracterizó principalmente por la aparición de focos en aves acuáticas migratorias y otras aves silvestres asociadas a ambientes costeros. Posteriormente, se observó una distribución geográfica más amplia de los focos, con un aumento de las detecciones en aves terrestres, zonas rurales y aves domésticas, lo que dio lugar a un escenario epidemiológico cada vez más complejo.

## 3.2 Introducción del virus en el territorio nacional

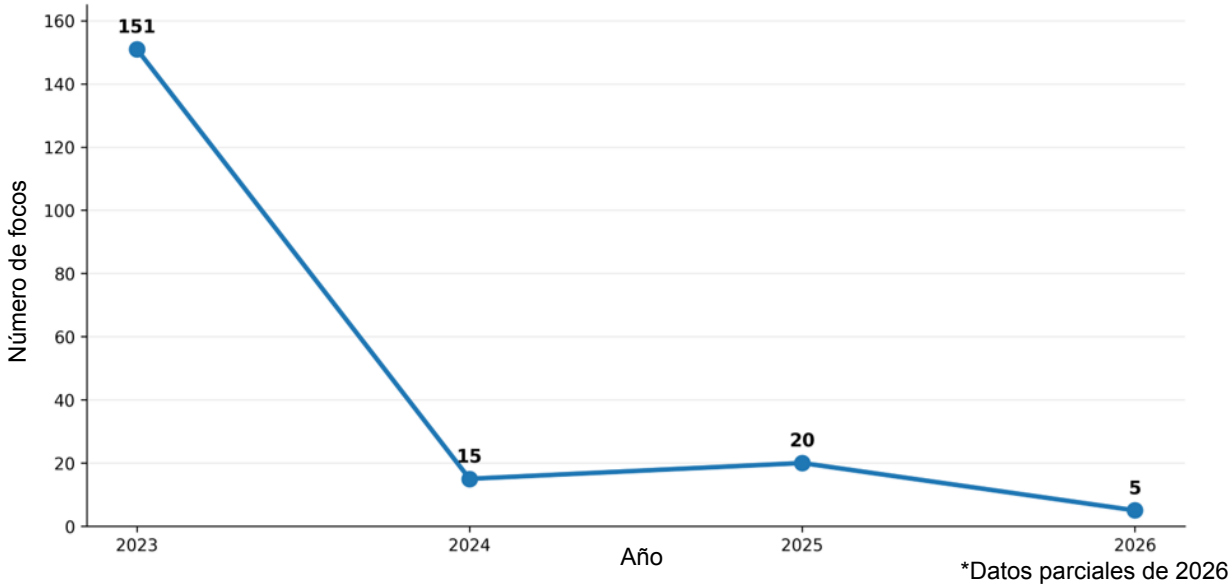
La IAAP se confirmó por primera vez en Brasil el 15 de mayo de 2023, lo que marcó la introducción del virus de la influenza A(H5N1) de alta patogenicidad en el territorio nacional. Hasta entonces, la enfermedad se consideraba exótica en el país.

Las primeras detecciones se produjeron en dos aves de la especie *Thalasseus acuflavidus* (patinegro americano) y en un ave de la especie *Sula leucogaster* (piquero pardo), encontradas en la región costera del estado de Espírito Santo. Estos registros fueron compatibles con el patrón observado durante la expansión del virus H5N1 por América del Sur, asociado principalmente al desplazamiento de aves silvestres y a la circulación viral en ambientes naturales y costeros.

## 3.3 Evolución cronológica de los focos

La distribución anual de los focos muestra que el mayor impacto epidemiológico se produjo durante el primer año de detección del virus en el país, como se muestra en la Figura 2.

Figura 2. Evolución anual del número de nuevos focos de influenza aviar altamente patógena en Brasil




En 2023, se confirmaron 151 focos de IAAP. En los años siguientes, se registraron 15 focos en 2024, 20 focos en 2025 y cinco focos entre enero y julio de 2026.

Estos datos muestran una reducción considerable del número anual de nuevos focos en comparación con el periodo inicial de la emergencia sanitaria. Sin embargo, esta reducción no significa que se haya eliminado el riesgo de nuevas introducciones o de propagación del virus, dada su dispersión en poblaciones de aves silvestres, su amplia distribución geográfica mundial y la posibilidad de exposición recurrente de las aves domésticas.

### 3.4 Situación epidemiológica durante el periodo analizado

Entre el 15 de mayo de 2023 y finales de julio* de 2026, se confirmaron 191 focos de IAAP en Brasil, distribuidos en 14 unidades federativas y 91 municipios.

Los focos afectaron a 35 especies distintas, entre ellas aves silvestres de vida libre, aves silvestres mantenidas en cautiverio, aves de traspatio, aves de producción comercial, aves ornamentales y mamíferos silvestres. Esta diversidad pone de manifiesto la amplia variedad de hospedadores susceptibles y de contextos epidemiológicos en los que se produjo la exposición al virus durante el periodo analizado.

Durante el mismo periodo, se investigaron 4.346 sospechas de síndrome respiratorio y nervioso de las aves (SRN), de las cuales 1.333 se clasificaron como casos probables y se sometieron a los procedimientos de investigación epidemiológica y diagnóstico de laboratorio previstos por el Sistema Nacional de Vigilancia.

La mayoría de los focos se produjo en aves silvestres de vida libre, con 172 registros, equivalentes al 90,1% del total. Este resultado refleja el papel central de estas poblaciones en la introducción, dispersión y mantenimiento de la circulación viral en ambientes naturales.

Aunque fueron menos frecuentes, se registraron 16 focos en aves de traspatio. Estos sistemas presentan un mayor potencial de contacto con aves silvestres debido al acceso frecuente al ambiente exterior y a la posibilidad de compartir agua, alimentos y otros recursos, por lo que constituyen una importante interfaz que debe considerarse al evaluar las posibles vías de introducción del virus.

El 15 de mayo de 2025 se confirmó el primer foco de IAAP en aves de producción comercial en Brasil, en un establecimiento de reproductoras comerciales ubicado en el municipio de Montenegro, Rio Grande do Sul. El episodio se consideró aislado y se aplicaron de inmediato las medidas de contención y erradicación previstas en el Plan Nacional de Contingencia, entre estas la interdicción del establecimiento, la eliminación de las aves, la limpieza y desinfección, la vigilancia en las áreas establecidas y la investigación de los posibles vínculos epidemiológicos. Tras concluir las medidas sanitarias en el establecimiento, confirmar la ausencia de nuevos focos en aves comerciales y cumplir los requisitos aplicables, Brasil recuperó su condición de país libre de IAAP en aves de producción comercial mediante una autodeclaración presentada ante la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA) el 18 de junio de 2025.

En conjunto, estos resultados demuestran que la epidemiología de la IAAP en Brasil evolucionó durante el periodo analizado. Tras una fase inicial caracterizada por un elevado número de focos asociados a la introducción del virus en aves silvestres, se observó una reducción del número anual de nuevos focos y un cambio gradual en el perfil epidemiológico de los eventos detectados. Para comprender esta dinámica, es necesario integrar los análisis temporales, espaciales, ecológicos y genómicos que se presentan en las siguientes secciones, lo que permite identificar patrones de introducción, dispersión y evolución viral.

*Fecha de referencia: 27 de julio de 2026

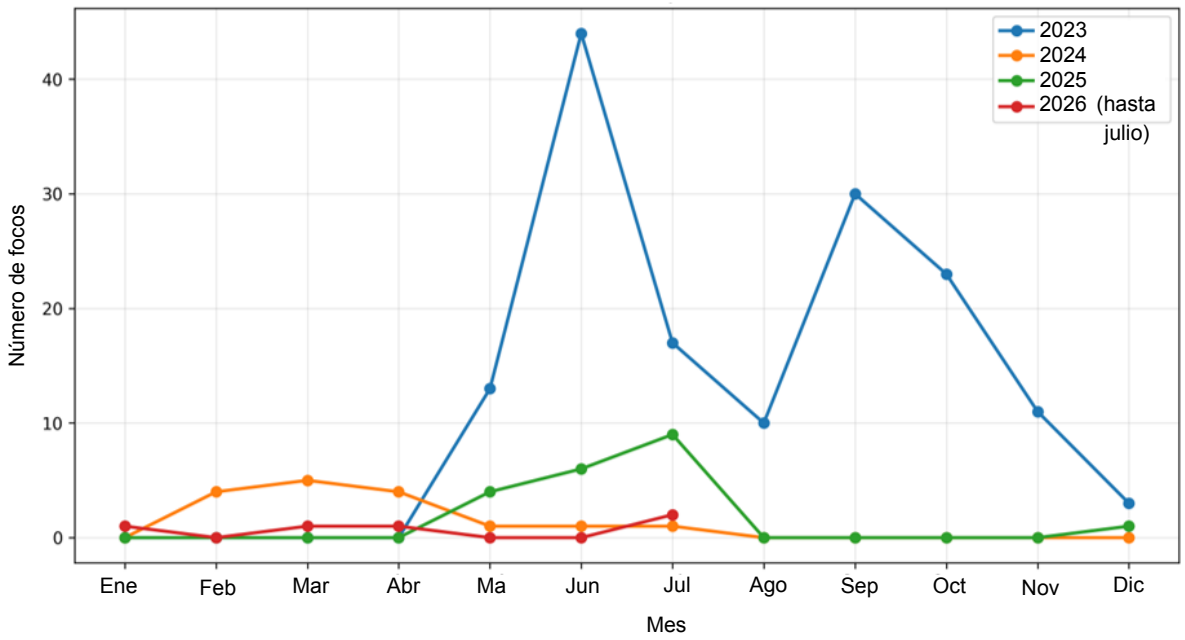
## 3.5 Evolución temporal

La distribución temporal de los focos muestra que la introducción de la IAAP en Brasil se produjo en un periodo compatible con la llegada de aves migratorias a través de las principales rutas migratorias de América del Sur, lo que respalda las evidencias de que estas especies desempeñaron un papel fundamental en la introducción del virus en el continente. Sin embargo, según lo observado por la OMSA y OFFLU, la aparición de focos en los años posteriores demuestra que la epidemiología de la enfermedad no puede explicarse exclusivamente por los movimientos migratorios de larga distancia. Aunque la distribución temporal de los focos sigue asociada con los periodos de mayor movimiento de aves migratorias, se registraron casos en diferentes épocas del año, lo que indica que el riesgo de aparición de la enfermedad resulta de la interacción de diversos factores ecológicos y epidemiológicos.

Este escenario refuerza la necesidad de mantener sistemas de vigilancia epidemiológica continuos y sensibles, capaces de detectar tempranamente cambios en el patrón temporal de aparición de la enfermedad e identificar modificaciones en el perfil epidemiológico de los focos para respaldar evaluaciones de riesgos permanentemente actualizadas.

La Figura 3 presenta la distribución mensual de los focos confirmados de IAAP en Brasil entre mayo de 2023 y julio de 2026.

Figura 3 - Distribución mensual de los focos de influenza aviar altamente patógena en Brasil




Durante el primer año de la emergencia sanitaria (2023), se observó un aumento considerable del número de focos entre junio y octubre, periodo que corresponde a la introducción del virus en el territorio nacional y a los primeros registros en aves silvestres, principalmente en la franja costera brasileña.

En 2024, se registró una marcada reducción del número de focos, concentrados entre febrero y julio, lo que indica un escenario epidemiológico diferente del observado durante la fase inicial de introducción del virus.

En 2025, se observó un nuevo aumento del número de focos entre mayo y julio, periodo en el que se confirmó el primer foco en aves de producción comercial de Brasil, además de registros en aves de traspatio, aves silvestres y mamíferos silvestres.

En 2026, hasta julio, los focos presentaron una distribución temporal compatible con el periodo de mayor movimiento de aves migratorias, lo que demuestra que el riesgo de nuevas introducciones sigue siendo más elevado durante ese periodo.

En términos generales, los datos ponen de manifiesto una marcada influencia estacional asociada con los movimientos migratorios de las aves silvestres, sin descartar la contribución de otros factores ecológicos y epidemiológicos a la aparición de los focos registrados. Estos resultados refuerzan la importancia de mantener las actividades de vigilancia durante todo el año e intensificar las acciones en los periodos de mayor riesgo epidemiológico.

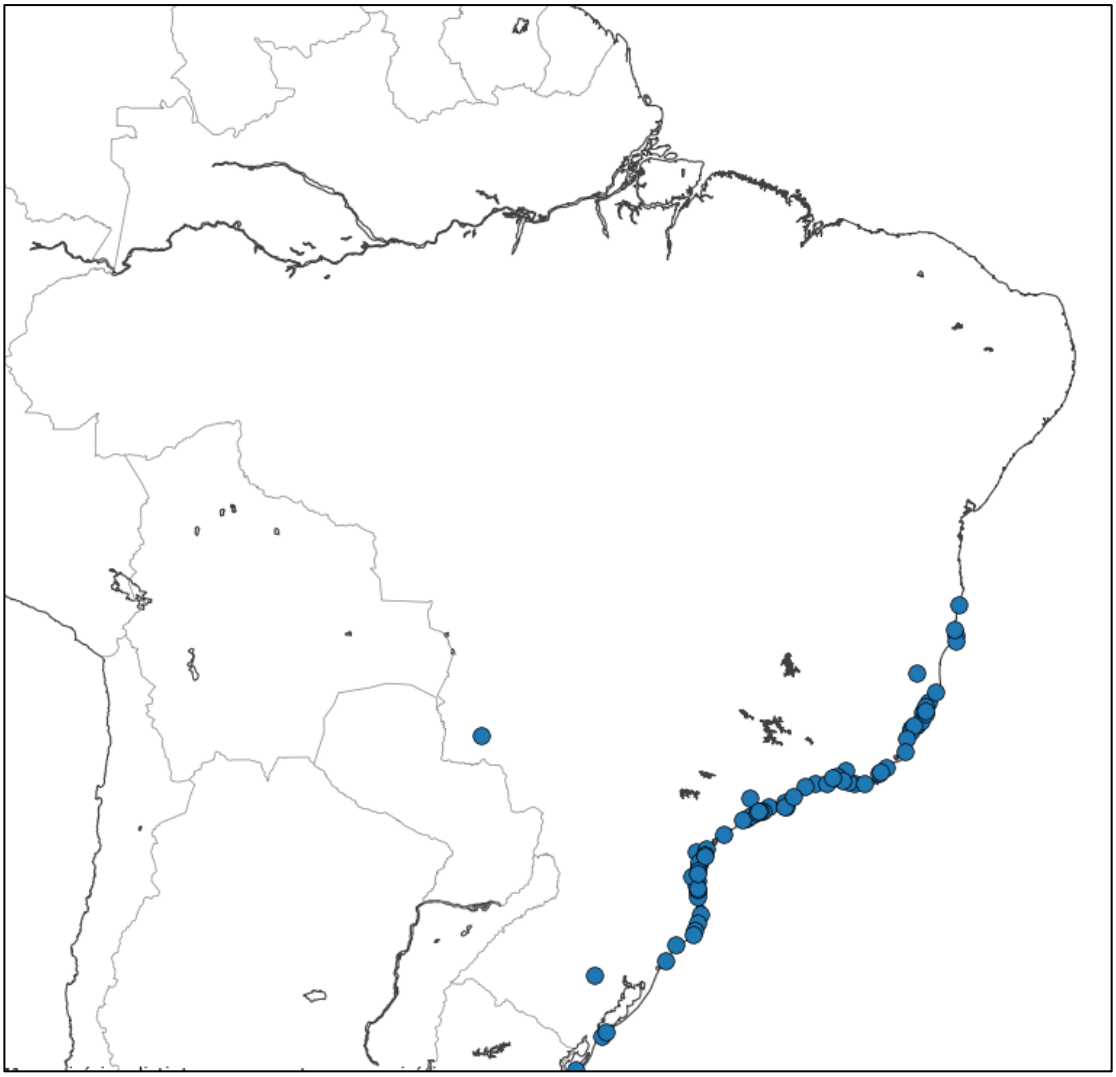
## 3.6 Distribución geográfica

La distribución geográfica de los focos de IAAP en Brasil muestra una evolución gradual del patrón espacial observado desde la introducción del virus en el país. Entre mayo de 2023 y julio de 2026, se confirmaron focos en 14 unidades federativas y 91 municipios, que abarcan diferentes biomas, ecosistemas y sistemas de producción. El análisis espacial muestra que los focos se produjeron en distintos contextos epidemiológicos durante el periodo, lo que refleja la diversidad de especies susceptibles, ambientes ecológicos e interfaces entre aves silvestres y domésticas.

Los primeros focos se registraron principalmente en la franja costera de las regiones Sudeste y Sur, y afectaron a aves marinas y costeras, especialmente charranes (*Thalasseus* spp. y *Sterna* spp.), piqueros pardos (*Sula leucogaster*) y otras especies asociadas a ambientes costeros. La concentración de los primeros focos de IAAP en la región costera brasileña coincide con áreas reconocidas por su importancia para las aves migratorias, que las utilizan habitualmente como rutas de paso y lugares de parada, descanso, alimentación y reproducción. Estas áreas concentran individuos procedentes de diferentes poblaciones migratorias y favorecen la interacción entre aves migratorias y residentes, lo que aumenta las oportunidades de exposición al virus y su dispersión a lo largo de las rutas migratorias.

La distribución geográfica de los focos registrados en 2023 y 2024 presentó una marcada concentración a lo largo de la franja costera brasileña (Figura 4), compatible con el predominio de las detecciones en aves silvestres asociadas con ambientes costeros y marinos durante ese periodo.

Figura 4 - Distribución geográfica de los focos de alta patogenicidad en 2023 y 2024



Este comportamiento también concuerda con las evaluaciones de la OMSA, la FAO/OFFLU y la Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria (EFSA, por sus siglas en inglés, European Food Safety Authority), que reconocen el papel de las aves migratorias en la introducción del virus en nuevos territorios y, al mismo tiempo, destacan que la distribución espacial observada después de su introducción comienza a reflejar una dinámica ecológica más compleja, que involucra diferentes especies silvestres, ambientes naturales e interfaces ecológicas y que no puede explicarse exclusivamente por los movimientos migratorios de larga distancia.

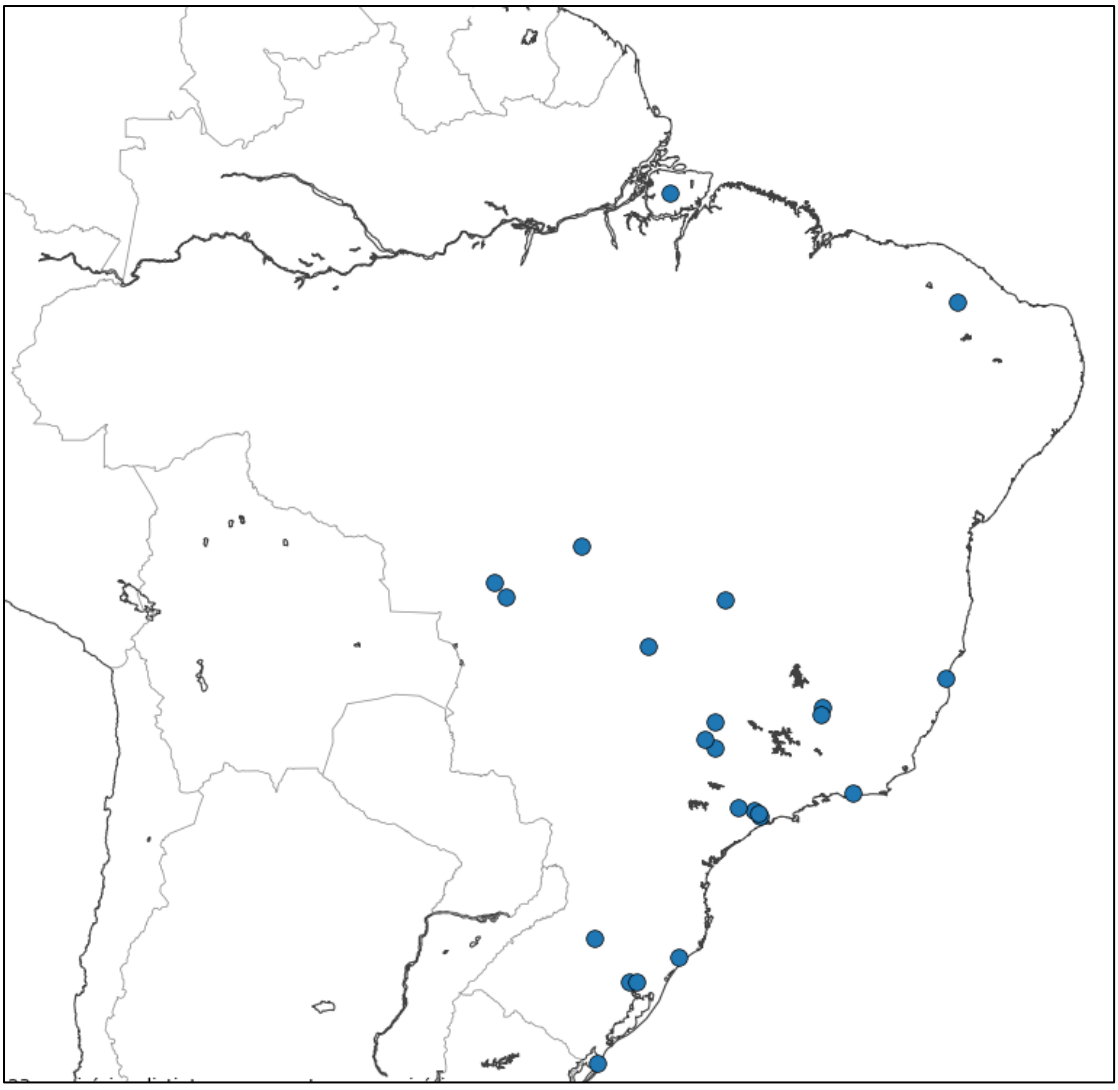
Durante 2023, se observó una distribución prácticamente continua de focos a lo largo del litoral de los estados de Espírito Santo, Rio de Janeiro, São Paulo, Paraná, Santa Catarina, Rio Grande do Sul y el sur de Bahia. La elevada concentración de registros en estas áreas coincide con importantes zonas de alimentación, descanso y reproducción de aves acuáticas y marinas, además de extensos ambientes costeros reconocidos internacionalmente como lugares de mayor riesgo de introducción de los virus de la influenza aviar.

Desde una perspectiva epidemiológica, estos ambientes pueden actuar como importantes interfaces ecológicas para la introducción y dispersión del virus, ya que la elevada

densidad de aves, el uso compartido de áreas de alimentación y descanso y la permanencia temporal de individuos infectados favorecen la transmisión entre diferentes especies silvestres. Este proceso puede contribuir a posteriores eventos de spillover hacia aves residentes y, eventualmente, hacia aves domésticas cuando existan interfaces epidemiológicas favorables.

En los años siguientes, especialmente en 2025, se observó una mayor dispersión geográfica de las detecciones, con registros en áreas continentales, que incluyeron aves acuáticas residentes y aves de traspatio. Este patrón también se describió en países de Europa y América, donde, tras la introducción inicial del virus, se observó un aumento de la diversidad de especies afectadas y de los ambientes en los que se produjeron las detecciones.

Figura 5 - Distribución geográfica de los focos de alta patogenicidad entre 2025 y julio de 2026



Los focos en aves de traspatio presentaron una distribución geográfica más dispersa y se registraron en diferentes estados de las regiones Centro-Oeste, Sudeste, Sur, Nordeste y Norte, incluidos Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás, Espírito Santo, Minas Gerais, São Paulo, Santa Catarina, Rio Grande do Sul, Ceará y Pará. Este patrón demuestra que la interfaz entre aves silvestres y explotaciones avícolas de traspatio puede presentarse en diferentes contextos ecológicos y productivos, independientemente de la proximidad al litoral.

En contraste, durante todo el periodo analizado, se confirmó un único foco en un establecimiento avícola comercial, ubicado en el estado de Rio Grande do Sul, que el SVO controló rápidamente. La aparición de un único foco en la avicultura comercial, en comparación con el número de detecciones en aves silvestres, demuestra que la circulación del virus en la fauna silvestre no necesariamente provoca su introducción en los sistemas comerciales, especialmente cuando se mantienen medidas eficaces de bioseguridad y prevención.

En términos generales, la evolución de la distribución geográfica de los focos en Brasil muestra un patrón compatible con el descrito internacionalmente para la IAAP: introducción inicial en aves silvestres asociadas con ambientes costeros, seguida de la identificación de focos en una mayor diversidad de especies y ambientes. Esta expansión espacial debe interpretarse como un reflejo de la diversidad de hospedadores susceptibles, las características ecológicas de los diferentes ambientes y la intensificación de las actividades de vigilancia realizadas por el SVO.

Estos resultados refuerzan la importancia de mantener sistemas de vigilancia distribuidos por todo el territorio nacional, que abarquen tanto las áreas costeras y los humedales utilizados por las aves migratorias como los ambientes continentales donde exista una interfaz entre la fauna silvestre y las aves domésticas, lo que permite detectar tempranamente nuevas introducciones y aplicar rápidamente las medidas de respuesta sanitaria.

## 3.7 Distribución por especies

La distribución de los focos por especies también muestra una evolución del perfil epidemiológico de la IAAP en Brasil. Durante el periodo analizado, se identificaron 41 especies de aves y 2 especies de mamíferos afectadas por la IAAP. Como se mencionó anteriormente, durante los dos primeros años de la emergencia sanitaria, más del 90% de las detecciones se produjeron en aves acuáticas, principalmente en especies migratorias asociadas a ambientes costeros, con predominio de los charranes (*Thalasseus acuflavidus y Thalasseus maximus*), que concentraron la mayor parte de los registros confirmados. También se identificaron focos en otras aves marinas y costeras, como charranes (*Sterna spp.*), piqueros pardos (*Sula leucogaster*), gaviotas, fragatas y cormoranes.

Sin embargo, la evolución de los focos reveló cambios importantes en la diversidad de especies afectadas. Se observó un aumento del número de detecciones en aves acuáticas residentes, aves terrestres de vida libre, aves de traspatio y, posteriormente, aves de producción comercial. Se registraron focos en especies como el sirirí pampa (*Dendrocygna viduata*), el suirirí piquirrojo (*Dendrocygna autumnalis*), el sirirí colorado (*Dendrocygna bicolor*), el hornero (*Furnarius rufus*), garzas, carancho (*Caracara plancus*), gavilanes, gallinas (*Gallus gallus domesticus*), gallinas de Guinea (*Numida meleagris*) y pavos (*Meleagris gallopavo*), entre otras, además de mamíferos marinos, como el lobo marino sudamericano (O*taria flavescens*).

La Tabla 1 presenta la distribución de los focos según el orden taxonómico y la especie afectada durante el periodo evaluado.

Tabla 1: Distribución de los focos de influenza aviar altamente patógena según el orden taxonómico y la especie afectada

| Orden | Especie | Número de focos |
|---|---|---|
| Accipitriformes | *Rupornis magnirostris* (gavilán pollero) | 1 |
| | *Urubitinga urubitinga* (gavilán cangrejero grande) | 1 |
| Anseriformes | *Dendrocygna viduata* (siriri pampa) | 4 |
| | *Cygnus atratus* (cisne negro) | 2 |
| | *Anatidae* (pato) | 1 |
| | *Coscoroba coscoroba* (caporoca) | 1 |
| | *Cygnus melancoryphus* (cisne de cuello negro) | 1 |
| | *Dendrocygna autumnalis* (suirirí piquirrojo) | 1 |
| | *Dendrocygna bicolor* (siriri colorado) | 1 |
| Carnívora | *Otaria flavescens* (lobo marino sudamericano) | 5 |
| Charadriiformes | *Thalasseus acuflavidus* (charrán patinegro americano) | 61 |
| | *Thalasseus maximus* (charrán real) | 51 |
| | *Sterna hirundo* (charrán común) | 12 |
| | *Sterna hirundinacea* (charrán sudamericano) | 8 |
| | *Chroicocephalus cirrocephalus* (gaviota de capucho gris) | 1 |
| | *Chroicocephalus maculipennis* (gaviota de capucho marrón) | 1 |
| | *Pluvialis dominica* (chorlito dorado americano) | 1 |
| | *Vanellus chilensis* (tero común) | 1 |
| Falconiformes | *Carcara plancus* (carancho) | 1 |
| Galliformes | *Meleagris gallopavo* (pavo) | 1 |
| | Numida meleagris (gallina de Guinea) | 1 |
| | *Gallus gallus* (gallina) | 15 |

| | | |
|---|---|---|
| Passeiformes | *Furnarius rufus* (hornero) | 1 |
| Pelecaniformes | *Ardea alba* (garceta grande) | 1 |
| | *Ardea cocoi* (garza cuca) | 1 |
| | *Egretta thula* (garceta nívea) | 1 |
| | *Nycticorax nycticorax* (martinete común) | 1 |
| | *Plegadis chihi* (morito cariblanco) | 1 |
| Procellariiformes | *Puffinus puffinus* (pardela chica) | 4 |
| | *Procellaria aequinoctialis* (petrel negro) | 2 |
| | *Pachyptila desolata* (pato petrel antártico) | 1 |
| Strigiformes | *Megascops choliba* (autillo chóliba) | 1 |
| Suliformes | *Sula leucogaster* (piquero pardo) | 3 |
| | *Nannopterum brasilianum* (cormorán neotropical) | 2 |
| | *Fregata magnificens* (fragata) | 1 |

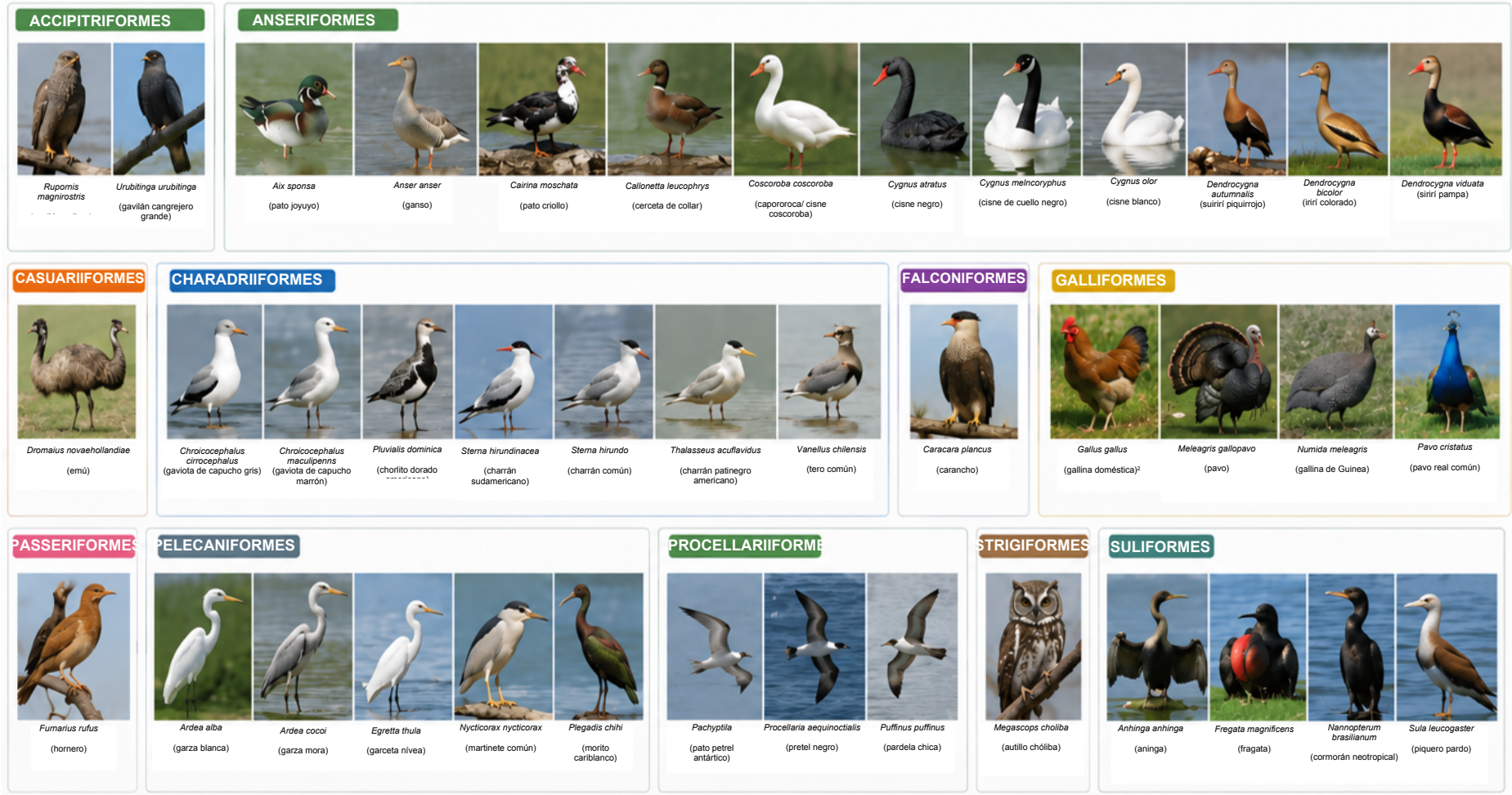
**Nota:** Datos obtenidos de la base de datos del panel público de influenza aviar, considerando únicamente las especies principales identificadas en la investigación epidemiológica de los focos.

Esta diversificación de hospedadores es compatible con el proceso descrito por la EFSA como amplificación ecológica (*ecological amplification*), en el que, tras la introducción inicial del virus en una región, aumenta el número de detecciones en diferentes comunidades de fauna silvestre que comparten hábitats, áreas de alimentación y lugares de descanso.

La literatura internacional también destaca la importancia de determinadas especies como posibles hospedadores puente (*bridge hosts*), capaces de utilizar tanto ambientes naturales como áreas de producción animal. Estas especies pueden favorecer la interfaz epidemiológica entre las aves acuáticas, que constituyen el principal reservorio natural de los virus de la influenza A, y las aves domésticas, lo que aumenta las oportunidades de exposición. En Brasil, la identificación de focos en aves acuáticas residentes, aves terrestres sinantrópicas, aves rapaces y aves domésticas refuerza la importancia de considerar estas interfaces ecológicas en las estrategias de vigilancia basada en riesgos.

La diversidad de especies afectadas durante el periodo se presenta en la Figura 6, elaborada a partir de los registros de especies principales y no principales asociados a los focos de IAAP (panel de influenza aviar).

Figura 6. Diversidad taxonómica de las aves afectadas por la influenza aviar altamente patógena, Brasil, 2023–2026




**Nota:** Para elaborar la imagen, se consideraron todos los registros de especies asociados a los focos de IAAP, incluidos aquellos clasificados en la base de datos (panel de influenza aviar) como **especie principal** y **especie no principal**. La base comprende 218 registros, de los cuales 191 corresponden a focos que incluyen las especies principales y 27 a registros de especies no principales. Una misma investigación puede incluir más de una especie afectada; por lo tanto, el número de registros de especies no corresponde necesariamente al número de focos.

Aunque la diversidad de especies afectadas aumentó durante el periodo analizado (Figura 1), las aves acuáticas continuaron siendo el principal grupo epidemiológico afectado. La ampliación de la diversidad de especies afectadas pone de manifiesto la necesidad de contar con programas de vigilancia que abarquen no solo las aves migratorias, sino también las aves residentes, las especies sinantrópicas, las aves depredadoras, las especies carroñeras y otras especies que puedan establecer conexiones epidemiológicas entre ambientes naturales y sistemas de producción.

La Tabla 2 resume los principales grupos taxonómicos identificados, sus características ecológicas y los ambientes predominantes en los que se encuentran.

Tabla 2 – Caracterización ecológica y ambiental de los principales grupos taxonómicos afectados por la influenza aviar altamente patógena en Brasil

| Orden | Principal característica ecológica | Ambiente predominante |
|---|---|---|
| **Charadriiformes** | Charranes, gaviotas, correlimos | Acuático costero |
| **Anseriformes** | Patos, cercetas, cisnes, siriríes | Acuático continental |
| **Suliformes** | piqueros, cormoranes | Acuático |
| **Pelecaniformes** | Garzas, martinetes | Áreas húmedas |
| **Procellariiformes** | Petreles, pardelas | Marino oceánico |
| **Galliformes** | Gallinas, pavos, gallina de Guinea | Terrestre (doméstico) |
| **Accipitriformes** | Gavilanes | Terrestre (depredadores) |
| **Falconiformes** | Carancho | Terrestre (depredador/oportunista) |
| **Passeriformes** | Hornero | Terrestre |
| **Strigiformes** | Búhos | Terrestre |
| **Carnívora** | Leones marinos | Marino |

Durante el periodo analizado, se confirmó la IAAP en especies pertenecientes a 11 órdenes taxonómicos. Inicialmente, los focos se concentraron en órdenes taxonómicos típicamente asociados con ambientes acuáticos y costeros, especialmente Charadriiformes, Suliformes, Procellariiformes y Anseriformes. Posteriormente, se observó una expansión hacia órdenes predominantemente terrestres, como Accipitriformes, Falconiformes, Passeriformes, Strigiformes y Galliformes, además de registros en mamíferos marinos (Carnivora). Este patrón coincide con la evolución observada en diversos países de Europa y América, donde la persistencia de la circulación viral comenzó a afectar a un número creciente de especies y órdenes taxonómicos.

A pesar de esta diversidad, se observó una marcada concentración de focos en el orden Charadriiformes, con 136 registros, equivalentes a aproximadamente el

71% del total. Entre las especies afectadas, destacó el charrán patinegro americano (*Thalasseus acuflavidus*), que presentó el mayor número de registros.

Tabla 3 - Síntesis de la diversidad taxonómica de las especies afectadas por la influenza aviar altamente patógena en Brasil

| Indicador | Valor |
|---|---|
| **Número total de especies afectadas** | **35** |
| **Número de órdenes taxonómicos** | **11** |
| **Orden más frecuente** | **Charadriiformes (136 focos; ~71%)** |
| **Especie más afectada** | *Thalasseus acuflavidus* |
| **Especie doméstica más afectada** | *Gallus gallus* |
| **Primeros grupos afectados** | Aves acuáticas y marinas |

Entre las especies domésticas, *Gallus gallus* presentó el mayor número de focos (Tabla 1). Cabe destacar que el aumento del número de focos o de especies afectadas no constituye, por sí solo, evidencia de transmisión sostenida ni de persistencia del virus en estas poblaciones, ya que las detecciones pueden deberse a eventos independientes de introducción asociados a la exposición a fuentes externas de infección, especialmente aves silvestres infectadas o ambientes contaminados por ellas.

La presencia del virus en hospedadores pertenecientes a diferentes nichos ecológicos y niveles tróficos pone de manifiesto múltiples oportunidades de exposición al agente infeccioso, mediante mecanismos como el uso compartido de ambientes acuáticos, el contacto directo o indirecto con aves infectadas, la exposición a ambientes contaminados, la depredación y el consumo de cadáveres de animales. Por lo tanto, aunque los focos siguieron concentrándose principalmente en aves acuáticas y marinas, la diversificación taxonómica observada durante la emergencia demuestra la capacidad del virus para alcanzar diferentes interfaces ecológicas.

# CAPÍTULO 4

# Vigilancia genómica de la influenza aviar en Brasil: resultados

## 4.1 Introducción

Desde la primera detección de IAAP en Brasil, en 2023, la secuenciación de los virus identificados en diferentes especies de aves y regiones del país ha permitido ampliar los conocimientos sobre su diversidad genética, sus relaciones filogenéticas y la dinámica de introducción y dispersión en el territorio nacional.

Sin embargo, el análisis genómico debe interpretarse de manera integrada con la información epidemiológica. La similitud genética entre virus no demuestra, por sí sola, la transmisión directa entre hospedadores o establecimientos, del mismo modo que la identificación de mutaciones o marcadores moleculares no implica necesariamente cambios fenotípicos ni adaptación a un determinado hospedador. En este sentido, los datos genómicos constituyen una fuente adicional de evidencia para formular y evaluar hipótesis epidemiológicas.

Este capítulo presenta los principales resultados de la vigilancia genómica de los virus de IAAP A/H5N1 detectados en Brasil entre 2023 y 2026, incluidos los procedimientos de secuenciación y caracterización genética, los genotipos identificados, las relaciones filogenéticas y el origen probable de los virus, así como la aparición de eventos de reordenamiento genético y de marcadores moleculares de interés. La integración de estos resultados con los datos de la vigilancia epidemiológica contribuye a comprender la dinámica de la IAAP en el país y a mejorar las estrategias de vigilancia y evaluación de riesgos.

## 4.2 Secuenciación de los virus detectados

La secuenciación genómica de los virus de influenza aviar detectados en Brasil se realizó en el marco de la vigilancia oficial, a partir de muestras procedentes de las investigaciones realizadas por el SVO. Las muestras obtenidas se enviaron inicialmente al LFDA-SP, que es el laboratorio de referencia de la OMSA y centro de referencia de la FAO para la influenza animal en la región. La confirmación de las muestras positivas para influenza A/H5 se realizó mediante RT-qPCR, complementada con la subtipificación y la secuenciación parcial mediante el método de Sanger. Posteriormente, las muestras seleccionadas para la secuenciación del genoma completo se enviaron al LFDA-MG, donde se realizó la secuenciación de nueva generación (NGS) mediante la plataforma Illumina MiSeq.

La selección de las muestras para NGS se basó en criterios epidemiológicos y de laboratorio, con el objetivo de maximizar la representatividad de los focos registrados en el territorio nacional. Se priorizaron las muestras con un valor de Ct (*cycle threshold)* [umbral de ciclo] inferior a 25, indicativo de una mayor carga viral, así como las muestras representativas de diferentes especies y regiones geográficas, con el fin de ampliar la diversidad epidemiológica contemplada en los análisis.

La secuenciación se realizó mediante la tecnología de secuenciación por síntesis (*sequencing-by-synthesis*), con la plataforma Illumina MiSeq, tras la extracción del ARN viral, la síntesis de ADNc y la amplificación de los ocho segmentos del genoma del virus de la influenza A. El proceso incluyó controles específicos para evaluar la eficiencia de la extracción, la preparación de las bibliotecas y el rendimiento de las corridas de secuenciación. El bacteriófago MS2 se utilizó como control del proceso de extracción, mientras que PhiX se incluyó en las corridas para monitorear el rendimiento de la secuenciación.

El procesamiento bioinformático incluyó el filtrado y recorte (*trimming*) de las lecturas, la evaluación de la calidad, la eliminación de contaminantes y de secuencias del hospedador, el ensamblaje *de novo* [*de novo assembly*], la inspección de los genomas y la anotación de las secuencias. Los parámetros obtenidos demostraron una elevada calidad de las secuencias, con una cobertura media superior a 1.000×, valores de Q30 superiores al 90% y más del 85% de las lecturas aprobadas en el control de calidad (*passing filter*).

De las 63 muestras procedentes de los focos evaluados (Anexo 1), 50 (79,4%) contaron con secuenciación del genoma completo, mientras que 13 (20,6%) contaron con secuenciación parcial. Por lo tanto, se observa una elevada proporción de genomas completos entre las muestras analizadas, especialmente en los años más recientes, lo que amplía la capacidad de caracterización genómica de los virus detectados.

## 4.3 Caracterización genética

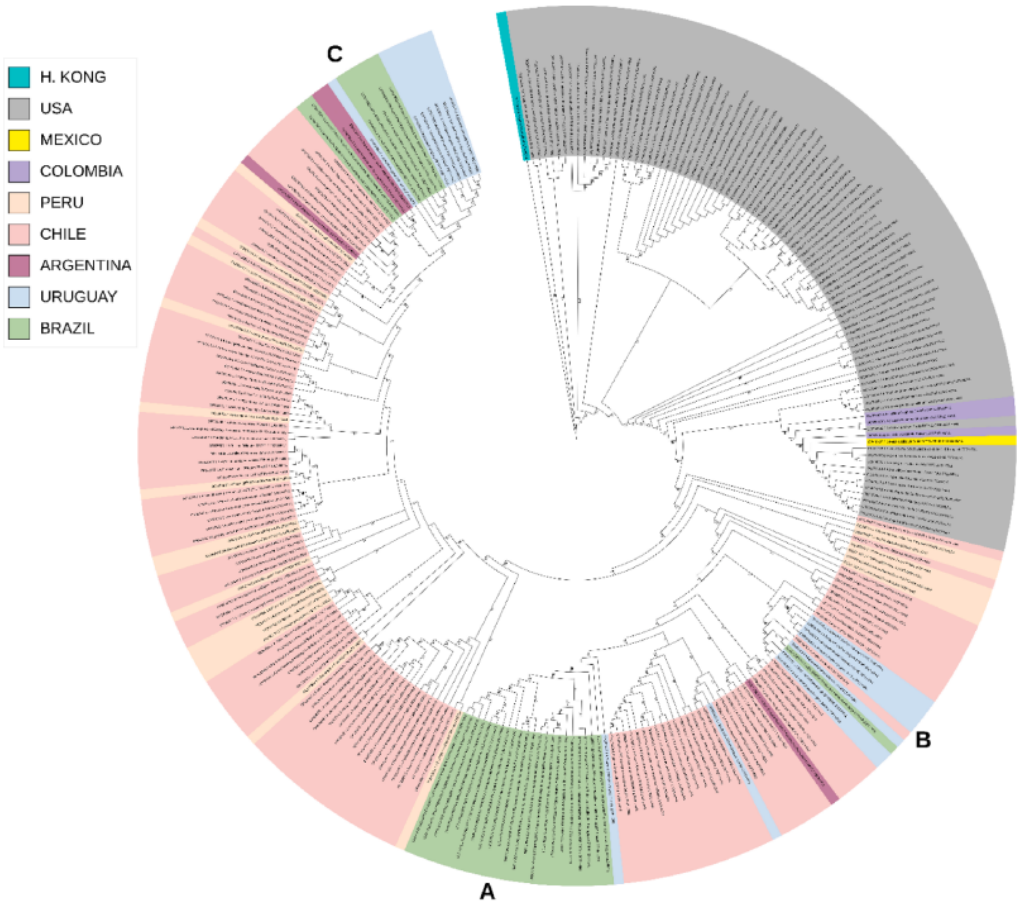
La caracterización genética de los virus detectados confirmó la presencia del subtipo de influenza A/H5N1 de alta patogenicidad, perteneciente al clado 2.3.4.4b, linaje responsable de la reciente expansión de la IAAP en América. En las muestras con secuenciación del genoma completo, el análisis abarcó los ocho segmentos que componen el genoma del virus de la influenza A (PB2, PB1, PA, HA, NP, NA, M y NS), lo que permitió evaluar de manera integrada su composición genética y las relaciones filogenéticas entre los virus detectados.

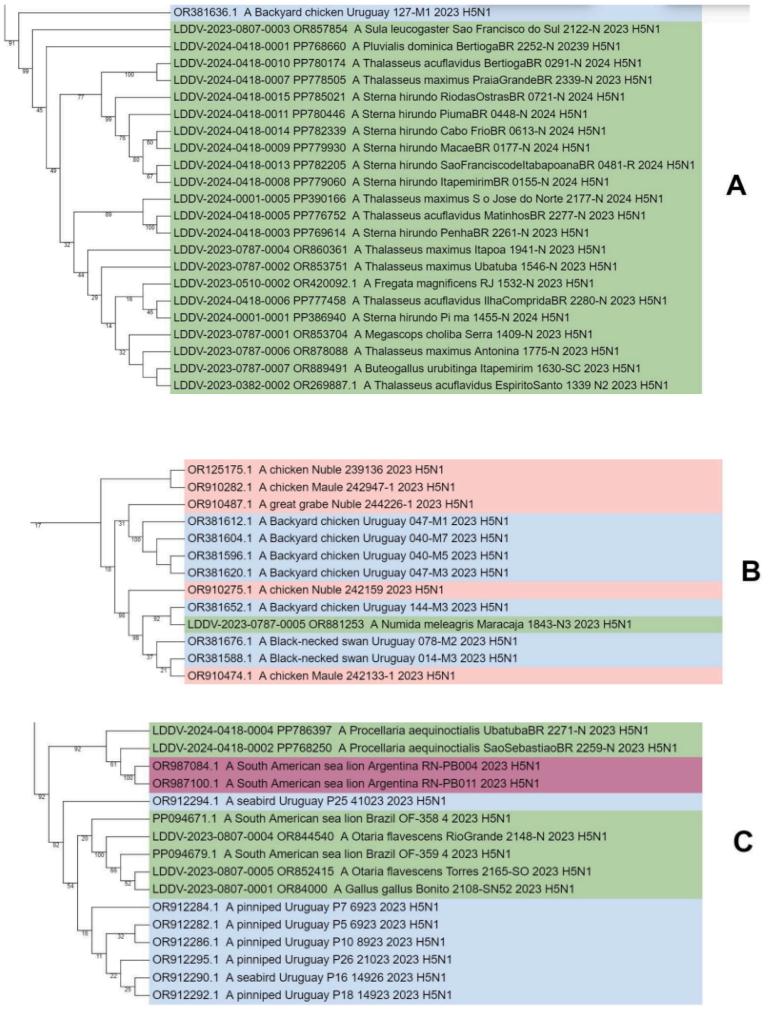
## 4.4 Origen probable de los virus

Los análisis filogenéticos y filogeográficos de los virus de IAAP A/H5N1 detectados en Brasil indican que la dinámica de introducción del virus en el país no fue uniforme durante el periodo analizado, ya que existen evidencias de diferentes rutas de introducción entre 2023 y 2026.

Los virus caracterizados durante el periodo 2023–2024 pertenecían al clado 2.3.4.4b y se clasificaron sistemáticamente como genotipo B3.2, con una elevada similitud genética respecto de los virus detectados previamente en Chile, Uruguay y Argentina. El análisis filogeográfico sugiere una dispersión desde el hemisferio norte hacia América del Sur, a través de América Central y la región andina, con una posterior dispersión hacia el sur de Brasil y otras regiones del país. Este patrón se asoció principalmente con la ruta migratoria del Pacífico, teniendo en cuenta también la conectividad entre las poblaciones de aves vinculadas a las rutas del Pacífico y del Atlántico mediante desplazamientos intrarregionales.

Figura 7. Análisis filogenético de los virus de influenza aviar altamente patógena detectados en Brasil en 2023 y 2024






**Leyenda:** La filogenia de las secuencias de hemaglutinina H5 se reconstruyó mediante el método de máxima verosimilitud, utilizando IQ-TREE multicore v.1.6.12. Las secuencias se alinearon mediante el programa MAFFT en el software Geneious Prime® 2024.0.3, y el árbol filogenético se generó en el mismo software y se editó con la herramienta iTOL. El modelo evolutivo de mejor ajuste se seleccionó mediante el criterio de información bayesiano (BIC), y la robustez de la topología del árbol se evaluó mediante 1.000 réplicas de *bootstrap*. El color verde indica el agrupamiento de las secuencias brasileñas, incluidas las secuencias de este estudio, identificadas con la sigla “LDDV”. Se utilizaron como grupo externo (*outgroup*) virus procedentes de Eurasia que no pertenecen al linaje *goose/Guangdong*. Los agrupamientos destacados en **A, B** y **C** comparten un ancestro común más reciente con linajes virales identificados en Chile, Uruguay y Argentina entre 2022 y 2024, con valores de soporte de *bootstrap* de entre el 82% y el 92%, lo que respalda una mayor proximidad filogenética con las secuencias de América del Sur.

Por lo tanto, la elevada proximidad filogenética entre las secuencias brasileñas y las procedentes de otros países sudamericanos refuerza la hipótesis de que las primeras detecciones en Brasil formaron parte del proceso de dispersión regional del H5N1 que ya se producía en el continente, mediado principalmente por los desplazamientos de aves silvestres.

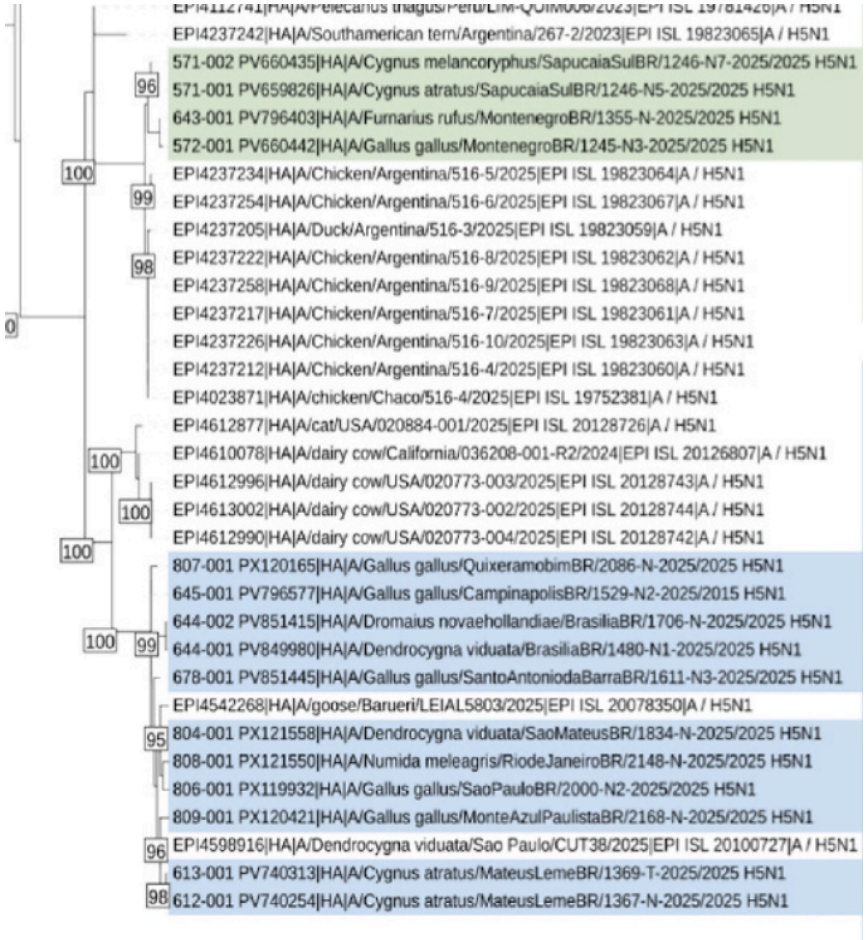
Sin embargo, a partir de 2025 se observa un cambio importante en este patrón. A diferencia de la relativa homogeneidad genética observada en 2023–2024, las secuencias

brasileñas analizadas en 2025 se distribuyeron en dos agrupamientos filogenéticos distintos, lo que indica la existencia de múltiples introducciones del virus.

El primer agrupamiento incluyó virus detectados en Rio Grande do Sul, tanto en el establecimiento de aves de producción de Montenegro como en aves silvestres de Sapucaia do Sul. Estos virus presentaron una elevada identidad genética con los virus detectados en Argentina y Bolivia en 2025, lo que respalda la hipótesis de conectividad epidemiológica regional en el Cono Sur, posiblemente mediada por aves migratorias.

El segundo agrupamiento reunió virus detectados en las regiones Nordeste, Centro-Oeste y Sudeste de Brasil, que presentaron una mayor proximidad filogenética con los virus de América del Norte. Como ya describieron RIVETTI JUNIOR et al. (2025), este agrupamiento es compatible con una introducción independiente, no relacionada con los eventos identificados en el sur del país, lo que refuerza la existencia de más de una vía de entrada y dispersión del H5N1 en el territorio brasileño.

Figura 8. Análisis filogenético de los virus de influenza aviar altamente patógena detectados en Brasil en 2025




**Leyenda:** El árbol filogenético se construyó mediante el método de máxima verosimilitud, con IQ-TREE y el modelo de sustitución nucleotídica K3Pu + F + G4, y se editó en iTOL. Las secuencias brasileñas de 2025 y sus respectivas ubicaciones (B) se destacan en **verde** para el clado filogenéticamente relacionado con las secuencias de Argentina y en **azul** para el clado relacionado con las secuencias procedentes de bovinos lecheros de Estados Unidos.

Además, el análisis de los ocho segmentos genómicos reveló eventos de reordenamiento genético en 2025, con segmentos relacionados con linajes de América del Sur, América del Norte y Eurasia. En Rio Grande do Sul, se identificó un patrón similar al descrito en Argentina en 2025, mientras que otro conjunto de virus presentó segmentos genéticamente relacionados con virus norteamericanos y colombianos. Estos hallazgos demuestran que la dinámica observada a partir de 2025 implica no solo diferentes introducciones, sino también una mayor complejidad en la composición genómica de los virus circulantes en América.

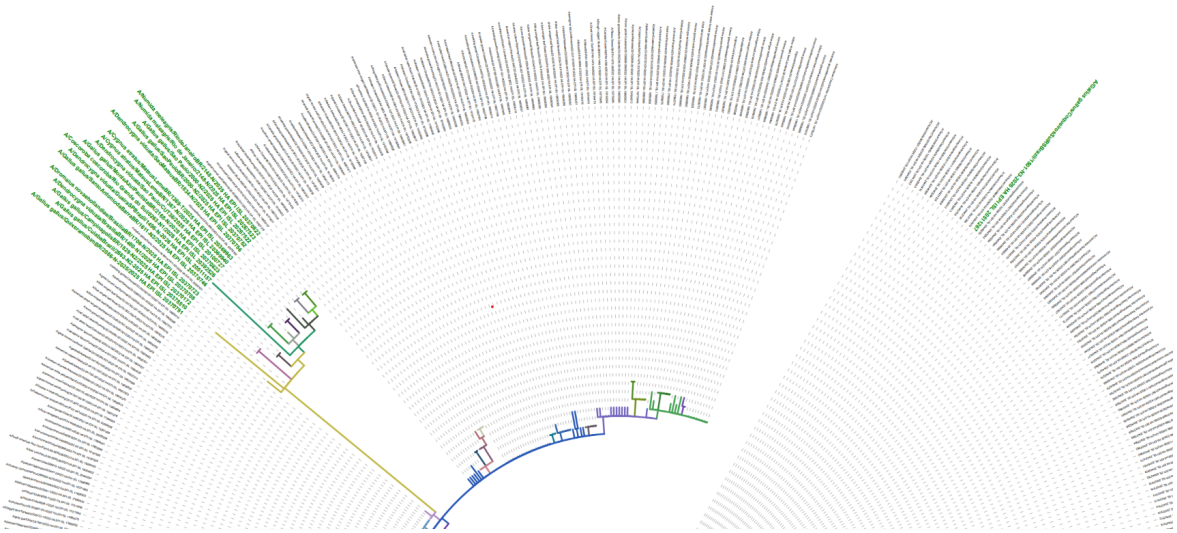
Los análisis de las muestras de 2026 evidenciaron la persistencia de la diversidad genética de los virus A(H5N1) detectados en Brasil e indicaron relaciones filogenéticas distintas entre los eventos analizados, compatibles con diferentes conexiones con virus circulantes en América.

Por ejemplo, el virus detectado en Coqueiros do Sul/RS, en una gallina de traspatio (*Gallus gallus*), presentó una mayor proximidad filogenética con virus identificados previamente en gallinas de Chile y en un ganso (*goose*) de Argentina. Este agrupamiento sugiere una relación con virus circulantes en el Cono Sur y es compatible con la conectividad regional ya observada entre los virus de IAAP identificados en los países del sur de América del Sur.

Por otro lado, el virus detectado en Guaíra/SP, en un ejemplar de sirirí pampa (*Dendrocygna viduata*), presentó una mayor proximidad filogenética con el virus identificado en Santa Vitória do Palmar/Rio Grande do Sul (RS), en un ejemplar de caporoca. Este último, a su vez, presentó una mayor similitud con un virus identificado en un ganso canadiense (*cackling goose*) en Colorado, Estados Unidos (Figura 8). Este patrón sugiere una conexión filogenética distinta de la observada en la muestra de Coqueiros do Sul y apunta a la posible participación de virus relacionados con linajes circulantes en América del Norte.

El análisis de los ocho segmentos genómicos complementa estos hallazgos y muestra que las muestras de Guaíra/São Paulo (SP) y Coqueiros do Sul/Rio Grande do Sul presentan constelaciones genómicas compatibles con eventos de reordenamiento genético. En ambas muestras, los segmentos HA, NA, PA y MP presentaron una mayor proximidad con el linaje euroasiático, mientras que PB2, PB1, NP y NS se relacionaron con linajes de aves silvestres americanas. A pesar de esta composición similar, sus diferentes relaciones filogenéticas refuerzan la necesidad de evaluar los segmentos individualmente y no solo la clasificación genotípica general de los virus.

Figura 9. Análisis filogenético de los virus de influenza aviar altamente patógena detectados en Brasil en algunas de las muestras de 2025 y 2026



**Leyenda:** En el árbol filogenético circular, las secuencias brasileñas se destacan en verde en los extremos de las ramas, mientras que los colores internos indican diferentes clados y linajes evolutivos. Se observan dos patrones distintos, evidenciados por la separación de los clados.

En conjunto, los hallazgos de 2026 sugieren la existencia de al menos dos patrones filogenéticos entre los virus analizados, aunque la cantidad de secuencias estudiadas todavía no permite establecerlo con certeza: uno relacionado con virus detectados previamente en el Cono Sur, representado por la muestra de Coqueiros do Sul/RS, y otro relacionado con la secuencia de Santa Vitória do Palmar/RS y, de manera más distante, con virus de América del Norte, representado por la muestra de Guaíra/SP. Estos resultados son compatibles con la persistencia de diferentes vías de introducción y dispersión viral en el continente, potencialmente asociadas con la conectividad entre poblaciones de aves silvestres. Cabe destacar que los datos disponibles hasta el momento no permiten establecer conclusiones definitivas sobre las rutas y los orígenes de los virus, por lo que los resultados presentados deben interpretarse como un panorama basado en la información actualmente disponible.

## 4.5 Genotipos identificados

El análisis de las secuencias obtenidas durante el periodo indica cambios en el perfil genómico de los virus de influenza aviar detectados en Brasil. En la fase inicial de las detecciones, se observó un predominio del genotipo B3.2, identificado en diferentes especies y regiones geográficas durante 2023 y también en muestras obtenidas durante el primer semestre de 2024. Este patrón demuestra la amplia distribución de dicho genotipo durante el periodo inicial de detección del virus en el país. Sin embargo, después de 2024 no se registraron nuevas identificaciones del

genotipo B3.2 entre las secuencias presentadas, lo que sugiere un cambio en el perfil de los virus detectados en el territorio nacional.

A partir de 2025, se identificaron nuevos genotipos, incluidos K.8 y N.1 (ANEXO). El genotipo K.8 se identificó en una muestra de cisne negro en Rio Grande do Sul, mientras que N.1 se detectó en muestras procedentes del Distrito Federal, Minas Gerais y Mato Grosso, correspondientes a diferentes especies. Estos hallazgos demuestran la presencia de virus genéticamente distintos de los que predominaban en la fase inicial de las detecciones.

Además de los tres genotipos ya identificados (B3.2, K.8 y N.1), existen muestras con genoma completo cuya clasificación genotípica aún no consta en la base de datos, incluidos registros de 2025 y 2026. Por lo tanto, la interpretación de la diversidad genómica observada durante el periodo podrá ampliarse a medida que estas secuencias se clasifiquen y se incorporen a los análisis filogenéticos.

En conjunto, los resultados muestran un cambio temporal en la composición genética de los virus detectados en Brasil, caracterizado por el predominio inicial del genotipo B3.2 durante los primeros años de la emergencia sanitaria. Posteriormente, se observó una mayor diversidad de genotipos, con la identificación de K.8 y N.1, además de virus que todavía no cuentan con una clasificación genotípica. Este escenario pone de manifiesto una dinámica genómica cada vez más diversa, potencialmente relacionada con nuevos eventos de introducción y con la circulación de diferentes variantes virales en América del Sur, lo que refuerza la importancia de mantener una vigilancia genómica continua para realizar un seguimiento de estos cambios.

## 4.6 Mutaciones genéticas y marcadores de adaptación

Las mutaciones PB1-F2 N66S y PA N383D están presentes en todas las secuencias analizadas durante todo el periodo histórico de vigilancia en el país (48 genomas en total).

El análisis del perfil genético del virus en 2026 permitió identificar alteraciones adicionales en tres proteínas: en HA (que afecta la capacidad de unión a las células del hospedador), en NS1 (relacionada con la respuesta del sistema inmunitario) y en M1 (asociada con la patogenicidad del virus). Por otro lado, el virus sigue sin presentar las mutaciones clásicas de adaptación a mamíferos (como PB2 Q591K y D701N), que caracterizaron el grupo de casos de 2023.

Tabla 4. Frecuencia y distribución temporal de mutaciones y marcadores moleculares de interés identificados en los virus de influenza aviar altamente patógena A(H5N1) en Brasil, 2023-2026

| Gen / Segmento | Proteína | Mutación / Marcador | 2023 (n=21) | 2024 (n=7) | 2025 (n=16) | 2026 (n=4) | Breve descripción del efecto / impacto biológico |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| PB2 | PB2 | Q591K | 5 (23,8%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | Confiere una capacidad eficiente de replicación viral en células de mamíferos. |
| PB2 | PB2 | D701N | 5 (23,8%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | Potencia el transporte nuclear y la transmisión entre mamíferos (marcador zoonótico clave). |
| PB2 | PB2 | K389R / V598T | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 4 (100%) | Aumenta la actividad de la polimerasa y la replicación en células de mamíferos y ratones. |
| PB2 | PB2 | E627K | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | Marcador clásico de adaptación a mamíferos (ausente en todas las muestras brasileñas; se conserva PB2 627E). |
| PB1 | PB1-F2 | N66S | 21 (100%) | 7 (100%) | 16 (100%) | 4 (100%) | Asociada con una mayor virulencia y la inhibición de la respuesta inmunitaria innata en mamíferos. |
| PB1 | PB1 | D3V / D622G | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 4 (100%) | Aumenta la actividad de la polimerasa y la eficiencia de replicación en células de aves y mamíferos. |
| PA | PA | N383D (383D) | 21 (100%) | 7 (100%) | 16 (100%) | 4 (100%) | Conservada en linajes aviares; mantiene una elevada eficiencia de la polimerasa viral en aves y mamíferos. |
| PA | PA | M86I | 5 (23,8%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | Marcador de adaptación a mamíferos asociado con una mayor virulencia (presente en el agrupamiento de 2023). |
| PA | PA | S37A / N409S | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 4 (100%) | Aumento de la actividad de la ARN polimerasa y de la cinética de replicación. |
| HA | HA1 / HA2 | S107R + T108I | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 4 (100%) | Aumento del pH de fusión y de la virulencia en modelos animales. |
| HA | HA1 / HA2 | S133A / S154N / T156A | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 4 (100%) | Aumento de la afinidad de unión a receptores de tipo humano/mamífero (alfa2,6-sialilo). |
| HA | HA1 / HA2 | K218Q + S223R | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 4 (100%) | Modulación de la afinidad de unión dual (alfa2,3 y alfa2,6). |
| HA | HA1 / HA2 | K64E (HA2) | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 4 (100%) | Estabilidad de la hemaglutinina y modulación del umbral de fusión de membranas. |
| NP | NP | A184K / K198R | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 4 (100%) | Modulación de la respuesta al interferón y de la actividad del complejo ribonucleoproteico (RNP). |
| NA | NA | Polimorfismos puntuales | — | — | — | Presentes | Variaciones estructurales secundarias sin impacto en la actividad catalítica. |
| MP | M1 | N30D / I43M / T215A | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 4 (100%) | Marcadores moleculares asociados con un aumento de la patogenicidad y la virulencia en aves y ratones. |
| NS | NS1 | D26K | 5 (23,8%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | Adaptación a mamíferos y evasión inmunitaria (agrupamiento de 2023). |
| NS | NS1 | P42S / I106M / C138F / V149A | 0 (0%) | 0 (0%) | 0 (0%) | 4 (100%) | Supresión de la respuesta inmunitaria innata mediante la atenuación de la respuesta al interferón (IFN) y la facilitación de la replicación viral en las células. |

Tabla 5. Marcadores moleculares de resistencia a los antivirales identificados en los virus de IAAP A(H5N1) analizados en Brasil, 2023–2026.

| Clase de antiviral | Fármaco evaluado | Principales marcadores investigados | 2023 (n=21) | 2024 (n=7) | 2025 (n=16) | 2026 (n=4) | Perfil de sensibilidad consolidado |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Inhibidores de la neuraminidasa (NAI) | Oseltamivir | NA H275Y, N295S, I223V | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones (sensible) | 100% sensible (sin resistencia detectada en ninguno de los años). |
| | | V203M | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 1 (25%) | Inhibición reducida por oseltamivir |
| Inhibidores de la neuraminidasa (NAI) | Zanamivir | NA E119V, T438I, R292K | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones (sensible) | 100% sensible. |
| Inhibidores de la neuraminidasa (NAI) | Peramivir | NA H275Y, T438I | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones (sensible) | 100% sensible. |
| Inhibidor de la endonucleasa (PA) | Baloxavir marboxilo | PA I38T/F/M, E23G/K, E199G | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones (sensible) | 100% sensible (ausencia de mutaciones en el sitio activo de la polimerasa PA). |
| Adamantanos | Amantadina / Rimantadina | M2 S31N, V27A, L26F | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones | 0% con mutaciones (V27I/S31S) | Sensible (ausencia de mutaciones clásicas que bloquean el canal M2). |

Además de las diferencias relacionadas con los genotipos y el origen de los segmentos genómicos, el análisis de las secuencias de los virus A/H5N1 detectados en Brasil permitió identificar sustituciones de aminoácidos en proteínas virales de interés para evaluar la adaptación a diferentes hospedadores, la transmisibilidad y el potencial zoonótico.

En las muestras analizadas entre 2023 y 2024, se identificaron mutaciones en la proteína de superficie del virus (hemaglutinina - HA), con alteraciones en sus dos regiones principales (HA1 y HA2) y un total de 12 cambios genéticos puntuales relevantes (SNP).

Por otro lado, en las muestras brasileñas se identificaron las sustituciones PB2-D701N y PB2-Q591K, ambas descritas en la literatura como marcadores asociados con una mayor eficiencia de replicación y/o adaptación del virus de la influenza A en hospedadores mamíferos. Estas alteraciones se detectaron en cinco de las muestras evaluadas y también estaban presentes en virus filogenéticamente relacionados detectados en Argentina, Uruguay y Chile.

La presencia de estos marcadores merece atención desde la perspectiva de la salud pública, pero no debe interpretarse de forma aislada como evidencia de adaptación del virus a los mamíferos ni de un aumento de la transmisión entre estos hospedadores.

También se identificaron marcadores relacionados con la resistencia a los antivirales inhibidores de la neuraminidasa. En las muestras brasileñas no se detectaron las sustituciones NA-N295S, NA-H275Y y NA-T438I, previamente asociadas con una menor sensibilidad o resistencia al oseltamivir, zanamivir y/o peramivir. Asimismo, las proteínas M1 y M2 no presentaron marcadores asociados con la adaptación a mamíferos en el conjunto de muestras analizadas.

Por lo tanto, los resultados disponibles demuestran que el monitoreo genómico debe considerar conjuntamente las mutaciones puntuales, los marcadores moleculares de adaptación y resistencia a los antivirales, así como los eventos de reordenamiento genético. Aunque se identificaron sustituciones de interés, especialmente en PB2, los datos no demuestran, por sí solos, una adaptación sostenida del H5N1 a los mamíferos en Brasil, lo que refuerza la necesidad de realizar un seguimiento continuo de estos marcadores mediante la vigilancia genómica.

# CAPÍTULO 5

# Integración de datos epidemiológicos y genómicos

## 5.1 Introducción

En Brasil, la incorporación de la vigilancia genómica a las investigaciones epidemiológicas permitió profundizar en la interpretación de los eventos observados durante la emergencia de la IAAP y aportó evidencias adicionales sobre posibles introducciones independientes, eventos de dispersión, cambios en la composición genética de los virus y posibles interfaces ecológicas involucradas en la circulación viral.

Sin embargo, es importante reconocer que la interpretación de estos datos presenta limitaciones inherentes a la naturaleza dinámica de la epidemiología de la IAAP. La circulación viral en múltiples hospedadores, la aparición continua de nuevas introducciones, la evolución genética de los virus y las lagunas en el muestreo permiten formular hipótesis epidemiológicas cada vez más sólidas a partir de las evidencias disponibles, aunque estas no siempre permitan establecer conclusiones definitivas. En este contexto, la generación continua de datos epidemiológicos, de laboratorio y genómicos, junto con su monitoreo a lo largo del tiempo, resulta fundamental para mejorar progresivamente los conocimientos sobre la dinámica de la enfermedad.

En los siguientes apartados se analizan las principales contribuciones de la integración de datos epidemiológicos y genómicos a la interpretación de la emergencia de la IAAP en Brasil. Los resultados presentados deben entenderse como evidencias complementarias que fortalecen las hipótesis epidemiológicas y reducen la incertidumbre, lo que contribuye a mejorar continuamente la vigilancia y la evaluación de riesgos, sin pretender establecer conclusiones definitivas sobre todos los mecanismos involucrados en la introducción y dispersión del virus.

## 5.2 Estructura de la integración de datos

Cada foco de IAAP genera diferentes conjuntos de información que, cuando se analizan de manera conjunta, permiten una interpretación más amplia del evento.

Desde el punto de vista epidemiológico, se consideran, entre otros elementos, la ubicación geográfica, la fecha de aparición, la especie afectada, la cronología del evento, los vínculos epidemiológicos, los movimientos de animales, productos,

personas y vehículos, los factores de riesgo identificados y las características ambientales.

Desde el punto de vista del laboratorio y la genómica, se consideran la confirmación diagnóstica, la secuencia genómica, la clasificación del subtipo y del clado, el genotipo viral, la posición filogenética, las relaciones genéticas con virus identificados previamente y la presencia de alteraciones genéticas de interés epidemiológico.

La interpretación integrada también debe incorporar información ecológica y espacial, como las rutas migratorias, la distribución de las especies silvestres, los ambientes acuáticos, la densidad avícola, la ubicación de los establecimientos susceptibles y la conectividad entre unidades productivas.

La contribución relativa de cada fuente de información varía según la pregunta epidemiológica que se pretende investigar. Mientras que algunas cuestiones pueden aclararse principalmente mediante los datos epidemiológicos o genómicos, otras requieren el análisis conjunto de múltiples evidencias para aumentar la confianza en la interpretación.

El Cuadro 2 sintetiza la contribución de la epidemiología, la genómica y la integración de estas evidencias para responder a las principales preguntas relacionadas con el origen, la propagación y la evolución de los focos de IAAP.

Cuadro 2 – Contribución de los datos epidemiológicos y genómicos a la interpretación de los focos de IAAP

| Pregunta epidemiológica | Epidemiología | Genómica | Integración de las evidencias |
|---|---|---|---|
| **¿Dónde se produjo el foco?** | Alta | Baja | Alta |
| **¿Cuándo se produjo?** | Alta | Baja | Alta |
| **¿Qué especies animales estuvieron involucradas?** | Alta | Baja | Alta |
| **¿Cuál es el origen probable del virus?** | Moderada | Alta | **Muy alta** |
| **¿Se trata de una introducción independiente?** | Moderada | Alta | **Muy alta** |
| **¿Pueden estar relacionados dos focos?** | Moderada | Alta | **Muy alta** |
| **¿Hubo propagación lateral?** | Moderada | Moderada | **Mayor confianza** |
| **¿Hubo persistencia local del virus?** | Moderada | Alta | **Mayor confianza** |
| **¿Cambió el genotipo viral?** | Baja | Alta | Alta |
| **¿Hubo reordenamiento genético?** | Baja | Alta | Alta |
| **¿Cuáles son las vías de propagación más plausibles?** | Alta | Moderada | **Muy alta** |

## 5.3 Origen y eventos de introducción

Los primeros focos registrados en Brasil, en 2023 y 2024, presentaron una fuerte asociación temporal, espacial y ecológica con las aves silvestres, especialmente con las especies migratorias y los ambientes costeros, lo que configura un patrón compatible con la dispersión del H5N1 del clado 2.3.4.4b observada en América. Los análisis genómicos corroboraron este patrón epidemiológico al revelar una elevada homogeneidad genética entre los virus caracterizados durante ese periodo, con predominio de un mismo genotipo entre las muestras procedentes de los diferentes focos analizados.

Los virus identificados en 2025 comenzaron a presentar una mayor diversidad genómica. Los análisis demostraron que los virus brasileños se agruparon en dos clados principales: uno genéticamente relacionado con los virus detectados en Argentina en 2025, compatible con la propagación regional de nuevos virus con reordenamiento genético en América del Sur, y otro agrupado con virus de América del Norte.

Además, la identificación de virus genéticamente relacionados con linajes detectados previamente en otras regiones, junto con la ausencia de vínculos epidemiológicos entre determinados focos, es compatible con la **aparición de eventos independientes de introducción en Brasil**, posiblemente asociados con la circulación y los desplazamientos de aves silvestres infectadas.

## 5.4 Dispersión del virus e interfaces ecológicas

Tras los múltiples eventos iniciales de introducción del virus en el territorio nacional, para comprender su dinámica de dispersión es necesario considerar no solo los desplazamientos de las aves migratorias y la ubicación de los focos, sino también la conectividad ecológica entre diferentes poblaciones de aves y los ambientes que comparten.

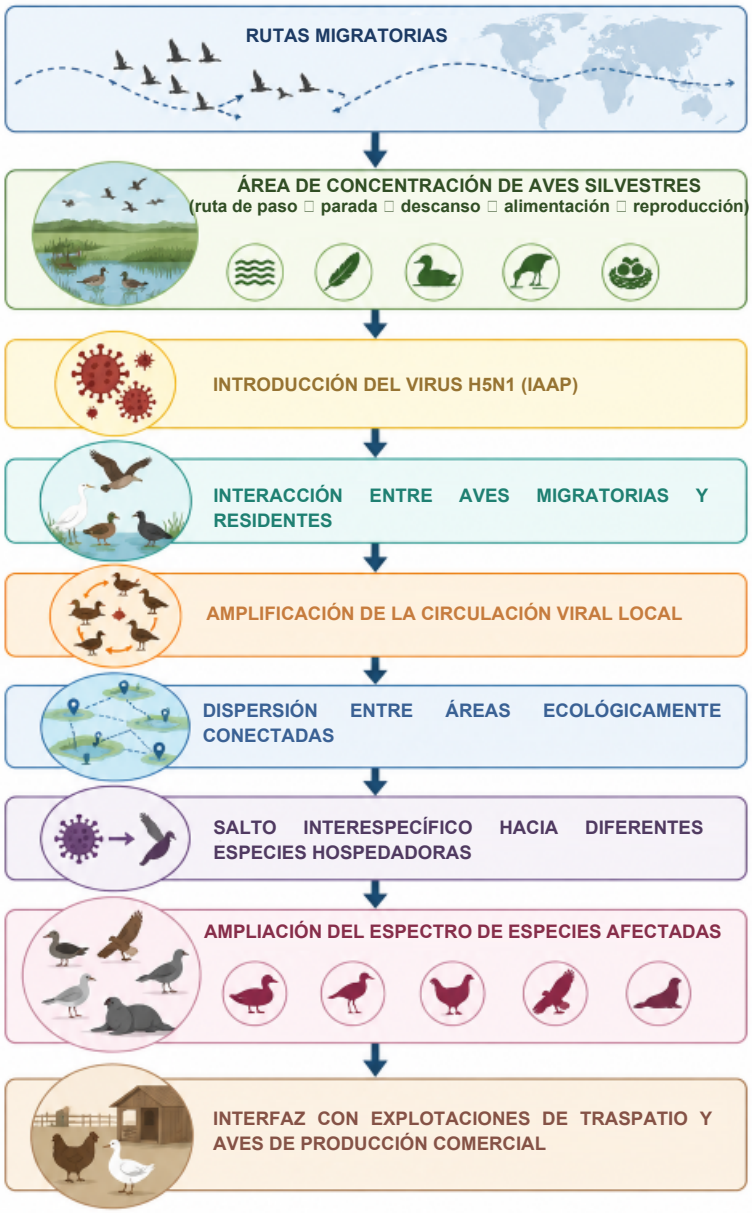
En este contexto, la información presentada en el Informe de *Áreas de Concentración de Aves Migratorias en Brasil – 4.ª edición*, elaborado por el Centro Nacional de Investigación y Conservación de Aves Silvestres (CEMAVE), constituye un importante aporte para interpretar la dinámica espacial de la IAAP en Brasil. El informe identifica las principales rutas migratorias y cartografía las áreas utilizadas habitualmente por las aves migratorias como lugares de parada, descanso, alimentación y reproducción a lo largo de la costa y en las regiones continentales del país. Estos ambientes forman parte de una red de áreas ecológicamente conectadas, donde puede producirse una superposición espacial y temporal entre aves migratorias y aves silvestres residentes.

La literatura internacional demuestra que las áreas de concentración de aves pueden constituir zonas de gran importancia ecológica para los virus de la influenza aviar. La concentración de diferentes especies y el uso compartido de ambientes acuáticos y terrestres aumentan las oportunidades de exposición y transmisión entre hospedadores. Por lo tanto, la dispersión viral puede involucrar no solo desplazamientos de larga distancia asociados con las rutas migratorias, sino también movimientos regionales y locales y sucesivos eventos de transmisión entre diferentes poblaciones de aves que utilizan ambientes ecológicamente conectados.

Este mecanismo es compatible con los patrones epidemiológicos observados en Brasil. En conjunto, los hallazgos sugieren que, tras eventos independientes de introducción del virus, la dispersión regional de la IAAP puede haber estado influida por la interacción entre aves migratorias y residentes y por la conectividad ecológica entre las áreas utilizadas por estas poblaciones. La superposición espacial y temporal de diferentes especies en áreas de alimentación, descanso, reproducción y concentración puede favorecer la transmisión interespecífica y la exposición de especies con diferentes grados de susceptibilidad y participación en la dinámica de mantenimiento y dispersión del virus. Sin embargo, la aparición de focos en estas especies que no son reservorios naturales del virus no constituye, por sí sola, evidencia de mantenimiento, persistencia viral o transmisión sostenida en dichas poblaciones.

Esta dinámica también puede ampliar las interfaces entre aves silvestres y domésticas. El riesgo tiende a ser especialmente relevante en las explotaciones avícolas de traspatio, los sistemas de pequeña escala y otros establecimientos con menores niveles de bioseguridad, donde el acceso de las aves domésticas al ambiente exterior, la proximidad a áreas de concentración de aves silvestres y el uso compartido de agua, alimentos u otros recursos ambientales pueden aumentar las oportunidades de exposición y favorecer la transmisión del virus de las aves silvestres a las domésticas.

Figura 9: Dinámica de introducción y dispersión del virus de la influenza aviar




## 5.5 Relación entre la diversidad genómica y el comportamiento epidemiológico

Otro beneficio importante de la vigilancia genómica integrada es la posibilidad de realizar un seguimiento de los cambios en la composición genética de los virus a lo largo del tiempo.

Los virus de la influenza poseen un genoma segmentado, lo que permite que se produzcan eventos de reordenamiento genético cuando diferentes virus infectan simultáneamente a un mismo hospedador. Por lo tanto, los virus pertenecientes a un mismo clado pueden presentar diferentes combinaciones de segmentos genómicos y constituir genotipos distintos.

La identificación de diferentes genotipos y eventos de reordenamiento genético durante la emergencia sanitaria en Brasil demuestra que los virus H5N1 del clado 2.3.4.4b continuaron evolucionando genéticamente durante su circulación en América. Sin embargo, hasta el momento no existen evidencias de que los cambios genotípicos identificados en Brasil hayan estado acompañados de alteraciones consistentes en el comportamiento epidemiológico o fenotípico de los virus, como cambios en el espectro de especies afectadas, la presentación clínica, la patogenicidad o la capacidad de transmisión entre aves domésticas.

La literatura internacional indica que la ampliación del número de especies afectadas observada durante la actual panzootia está relacionada principalmente con la elevada presión de infección ambiental, la expansión de la circulación viral en aves silvestres y el aumento de las interfaces ecológicas entre diferentes hospedadores, más que con la aparición de un genotipo específico. Asimismo, las mutaciones asociadas con la adaptación a mamíferos se han descrito principalmente después de eventos de salto interespecífico hacia estas especies, por lo que no constituyen evidencia de una alteración fenotípica generalizada de los virus circulantes en aves. Por lo tanto, la interpretación epidemiológica de los cambios genómicos debe considerar conjuntamente las evidencias filogenéticas, epidemiológicas y ecológicas y, cuando estén disponibles, los estudios fenotípicos, sin inferir alteraciones biológicas únicamente a partir de la identificación de nuevos genotipos.

## 5.6 Reducción de la incertidumbre

La investigación epidemiológica de los focos de IAAP suele contemplar múltiples hipótesis plausibles de introducción o propagación. En determinadas situaciones, la información sobre desplazamientos, proximidad geográfica o exposición a aves silvestres puede ser insuficiente para distinguir entre hipótesis alternativas.

La incorporación de datos genómicos permite añadir una nueva fuente de evidencia a la investigación. Cuando los resultados genómicos concuerdan con la cronología, la ubicación y los vínculos epidemiológicos, aumenta la confianza en la hipótesis formulada. Cuando no concuerdan, pueden indicar la necesidad de revisar la investigación o considerar hipótesis alternativas.

Sin embargo, reducir la incertidumbre no significa eliminarla. La ausencia de secuencias de determinados hospedadores o periodos, las diferencias en la intensidad de la vigilancia y las limitaciones en la representatividad de las muestras pueden impedir la reconstrucción completa de las cadenas de transmisión.

# CAPÍTULO 6

# Aplicaciones y perspectivas de la integración de la vigilancia epidemiológica y genómica para el fortalecimiento del Servicio Veterinario Oficial

## 6.1 Introducción

Más allá de ampliar los conocimientos sobre los eventos ocurridos, el análisis integrado de la información epidemiológica y genómica ofrece nuevas posibilidades de aplicación en la vigilancia oficial, especialmente en la investigación epidemiológica, la identificación de posibles vías de introducción y dispersión viral, la evaluación de riesgos y la definición de poblaciones y áreas prioritarias para la vigilancia.

La integración de estos datos con la información de laboratorio, espacial y ecológica permite obtener una visión más amplia de la dinámica de la IAAP y transformar los resultados de la vigilancia en información útil para la planificación y la toma de decisiones del SVO. Al mismo tiempo, permite identificar lagunas de conocimiento y nuevas oportunidades para mejorar las estrategias de prevención, detección temprana y respuesta.

Este capítulo analiza las contribuciones observadas y potenciales de la integración de datos epidemiológicos y genómicos para comprender la dinámica de la IAAP en Brasil, así como sus posibles aplicaciones para mejorar las estrategias adoptadas por el SVO.

## 6.2 Integración de evidencias y mejora de la vigilancia

Los conocimientos generados por la vigilancia epidemiológica y genómica de la IAAP se incorporaron progresivamente a las actividades del SVO, lo que permitió ajustar las estrategias, ampliar las poblaciones e interfaces consideradas en la vigilancia y mejorar la identificación y priorización de situaciones de mayor riesgo. La integración de estos hallazgos con información sobre la distribución de aves silvestres y domésticas, las rutas migratorias, los movimientos de animales y los factores ambientales permitió transformar datos procedentes de diferentes fuentes en conocimientos aplicables a las acciones de prevención, investigación, vigilancia y respuesta.

Este enfoque se enmarca en el concepto de inteligencia epidemiológica, que comprende la recopilación, integración, análisis e interpretación sistemática de información procedente de diferentes fuentes para identificar y evaluar riesgos sanitarios y respaldar la toma de decisiones del SVO. En el contexto de la emergencia de IAAP en Brasil, su aplicación dio lugar a adaptaciones concretas de las estrategias de vigilancia a medida que surgieron nuevas evidencias epidemiológicas, genómicas y ecológicas.

Una de estas aplicaciones fue la mejora de la vigilancia basada en riesgos. La incorporación de información sobre las áreas de concentración de aves silvestres, las rutas migratorias, la distribución espacial de los focos y los resultados de las investigaciones epidemiológicas permitió mejorar las evaluaciones de riesgos, identificar regiones con mayor probabilidad de introducción del virus y perfeccionar la priorización de municipios y áreas donde intensificar las acciones de vigilancia y bioseguridad.

La evolución de la emergencia también demostró la necesidad de adaptar continuamente la vigilancia a los cambios en el perfil epidemiológico de la enfermedad. Inicialmente, la vigilancia pasiva en aves silvestres se concentraba principalmente en especies de los órdenes Anseriformes y Charadriiformes, reconocidas internacionalmente como importantes reservorios de los virus de la influenza aviar. Sin embargo, durante la emergencia, la detección de la infección en especies pertenecientes a diferentes órdenes taxonómicos, incluidas aves silvestres residentes, puso de manifiesto la ampliación del espectro de hospedadores. Algunas de estas especies pueden actuar como hospedadores puente y favorecer la conexión entre aves migratorias infectadas y otras poblaciones de aves silvestres, periurbanas y domésticas. Ante este escenario, se amplió la vigilancia pasiva para incluir aves silvestres de diferentes especies como población objetivo, siempre que cumplieran los criterios de caso sospechoso establecidos por el SVO, lo que aumentó la capacidad del sistema para detectar cambios en el perfil epidemiológico de la IAAP.

La ampliación del espectro de hospedadores observada durante la emergencia no se limitó a las especies aviares. La aparición de infecciones por el virus H5N1 en diferentes especies de mamíferos domésticos y silvestres en otros países puso de manifiesto la posibilidad de eventos de salto interespecífico y la necesidad de prestar mayor atención a las especies no aviares potencialmente expuestas. Ante esta evolución del escenario epidemiológico, la estrategia de vigilancia en Brasil también se adaptó progresivamente para contemplar estas interfaces, especialmente en situaciones de focos de IAAP en aves domésticas. En estos eventos, comenzó a considerarse la evaluación de riesgos para los mamíferos domésticos (bovinos y porcinos) presentes en la unidad epidemiológica afectada, especialmente cuando existía la posibilidad de contacto directo o indirecto con aves infectadas o materiales potencialmente contaminados. Según el riesgo identificado, la investigación puede incluir la toma de muestras, lo que contribuye a detectar posibles eventos de

transmisión entre especies y a realizar un seguimiento de los cambios en el espectro de hospedadores del virus.

La vigilancia genómica añadió otra dimensión a esta interpretación y comenzó a incorporarse sistemáticamente a las investigaciones y a la evaluación del escenario epidemiológico. Su integración con los datos epidemiológicos ha contribuido a evaluar las relaciones entre los focos, investigar posibles vías de introducción y dispersión viral e identificar cambios en el perfil de los virus detectados en el país.

De este modo, la integración de información epidemiológica, genómica y ecológica ha permitido incorporar nuevos hallazgos a la vigilancia oficial y adaptar progresivamente sus estrategias a los cambios observados en el perfil epidemiológico de la IAAP, lo que contribuye a definir prioridades y mejorar la vigilancia basada en riesgos.

## 6.3 Perspectivas

La rápida evolución de la IAAP y la creciente diversidad y cantidad de información generada por la vigilancia refuerzan la necesidad de desarrollar continuamente la capacidad del SVO para integrar, procesar y analizar datos de diferentes fuentes. En este contexto, una perspectiva estratégica para Brasil consiste en avanzar en la incorporación de sistemas de inteligencia epidemiológica orientados a la integración y el análisis de datos, capaces de reunir de manera sistemática y oportuna información epidemiológica, de laboratorio, genómica, ecológica, ambiental y productiva.

Este proceso debe abarcar tanto el nivel central, para fortalecer la capacidad nacional de análisis, evaluación de riesgos y definición de estrategias, como los SVE, responsables de generar gran parte de los datos y ejecutar las acciones de vigilancia sobre el terreno. El fortalecimiento de esta capacidad en los diferentes niveles del SVO podrá favorecer una mayor interoperabilidad entre sistemas, la estandarización y la calidad de los datos, la automatización de los análisis y la generación oportuna de información estratégica.

La consolidación de esta estructura permitirá pasar de sistemas orientados principalmente al registro y seguimiento de los eventos a modelos capaces de integrar y analizar continuamente diferentes fuentes de información, lo que favorecerá la identificación temprana de cambios en el perfil epidemiológico, la priorización de áreas y poblaciones de mayor riesgo y la orientación más oportuna de las acciones de vigilancia.

Otro avance importante consiste en integrar las bases de datos que actualmente generan diferentes instituciones. La información procedente de la vigilancia epidemiológica oficial, la vigilancia activa de aves silvestres asintomáticas realizada por instituciones ambientales y de investigación, el monitoreo de la fauna y

los datos ambientales debe analizarse de manera integrada para ampliar considerablemente la capacidad de comprender los determinantes ecológicos de la circulación viral. Este enfoque permitiría identificar con mayor precisión las áreas prioritarias para la vigilancia, las posibles rutas de dispersión, las interfaces entre aves migratorias, residentes y domésticas y los factores ambientales asociados con el mantenimiento y la propagación del virus, además de funcionar como un sistema de alerta de focos para la avicultura industrial.

La integración de estas evidencias también deberá contribuir al desarrollo de modelos capaces de identificar áreas con mayor concentración de eventos (*hotspots*), estimar las zonas con mayor probabilidad de introducción y dispersión viral y respaldar la actualización continua de las estrategias de vigilancia basada en riesgos para la avicultura industrial del país.

Además, la ampliación de la vigilancia genómica podrá permitir un seguimiento más sistemático de la diversidad viral, las mutaciones, los eventos de reordenamiento genético y los marcadores moleculares de interés. Cuando se combinan con las evidencias epidemiológicas y, cuando estén disponibles, fenotípicas, estos datos pueden contribuir a evaluar cambios relacionados con la adaptación a los hospedadores, la transmisibilidad y otras características relevantes. En escenarios donde se consideren estrategias de vacunación, la caracterización genética y antigénica de los virus circulantes también podrá aportar información para evaluar y seleccionar posibles cepas vacunales.

Por último, la consolidación del enfoque de Una Sola Salud representa una de las principales perspectivas para fortalecer la vigilancia de la IAAP. La integración de la sanidad animal, la salud humana, el medio ambiente y la conservación de la fauna permitirá comprender de manera más amplia las interfaces ecológicas involucradas en la circulación de los virus de la influenza, detectar tempranamente eventos de transmisión entre especies y mejorar la capacidad de respuesta frente a las enfermedades transfronterizas.

# CAPÍTULO 7

# Consideraciones finales

La experiencia acumulada desde la introducción de la IAAP en Brasil, en 2023, demostró la solidez y la capacidad de adaptación del sistema nacional de vigilancia, sustentado en la actuación integrada del MAPA, los SVE, la red oficial de laboratorios, el sector productivo y los diferentes actores involucrados en la vigilancia y respuesta a las emergencias zoosanitarias. La estructura establecida permitió detectar e investigar focos en diferentes especies y contextos epidemiológicos, ampliar la capacidad diagnóstica e implementar oportunamente medidas de prevención, control y respuesta.

Al mismo tiempo, los resultados presentados en este informe demuestran que la epidemiología de la IAAP sigue siendo dinámica y está sujeta a cambios continuos. La ampliación de la distribución geográfica y del espectro de hospedadores, junto con la identificación de diferentes genotipos, eventos de reordenamiento genético y posibles introducciones independientes, pone de manifiesto que el riesgo sanitario no se limita a los periodos o áreas donde se produjeron las primeras detecciones. En este escenario, la disminución del número de focos a lo largo del tiempo no debe interpretarse como una menor necesidad de vigilancia, sino que refuerza la importancia de mantener un sistema continuo, sensible y basado en riesgos, capaz de detectar tempranamente cambios en el patrón epidemiológico y orientar las acciones hacia las poblaciones aviares, áreas e interfaces de mayor riesgo.

La incorporación de la vigilancia genómica representó un avance importante en este proceso. Su integración con la información epidemiológica, de laboratorio, espacial y ecológica amplió la capacidad de interpretar los eventos detectados, formular y evaluar hipótesis sobre posibles vías de introducción y dispersión viral, realizar un seguimiento de la evolución de los virus y orientar la mejora de las estrategias de vigilancia. Sin embargo, los resultados demuestran que los datos genómicos deben seguir integrados en las investigaciones epidemiológicas de campo y servir como fuente complementaria de información para fundamentar las conclusiones del SVO.

La experiencia brasileña también demuestra que la solidez de un sistema de vigilancia no depende únicamente de su capacidad para responder a los focos, sino también de su capacidad para aprender y adaptarse continuamente a los cambios del escenario epidemiológico. La ampliación de las especies consideradas en la vigilancia, la incorporación de nuevas interfaces epidemiológicas, el fortalecimiento de la capacidad de laboratorio y el uso creciente de información genómica son ejemplos de esta adaptación durante la emergencia.

Para los próximos años, resulta estratégico consolidar estos avances y fortalecer la capacidad de inteligencia epidemiológica en los niveles central y estatal, mediante una mayor integración e interoperabilidad entre los datos epidemiológicos, de laboratorio, genómicos, ecológicos, ambientales y productivos. Los sistemas de análisis más sólidos podrán permitir que el gran volumen de información generado por la vigilancia se transforme, de manera cada vez más oportuna, en conocimientos aplicables a la evaluación de riesgos, la alerta temprana y la definición de las prioridades del SVO. Esta necesidad ya se señala en las perspectivas del propio informe.

De este modo, los resultados consolidados en este informe demuestran que Brasil cuenta con una estructura de vigilancia amplia y técnicamente consolidada, capaz de detectar, investigar y caracterizar los eventos de IAAP y responder a ellos. Sin embargo, mantener esta capacidad requiere inversiones continuas en vigilancia, capacidad diagnóstica, calidad de la información, integración entre instituciones e incorporación de nuevas herramientas analíticas. Paralelamente, ante el carácter dinámico de la IAAP, la diversidad de hospedadores involucrados y las múltiples interfaces que pueden favorecer la introducción y propagación del virus, la implementación de **medidas de bioseguridad en los establecimientos avícolas** adquiere una importancia cada vez mayor como componente fundamental de la prevención. El fortalecimiento continuo de estas medidas, junto con la vigilancia basada en riesgos y la detección temprana, constituye una de las principales estrategias para reducir la probabilidad de introducción del virus en las poblaciones de aves de producción comercial.

Más allá de responder a la emergencia iniciada en 2023, el desafío consiste en consolidar una vigilancia permanente, integrada y basada en riesgos, capaz de realizar un seguimiento de la evolución de la IAAP en Brasil y el mundo, anticipar cambios relevantes en el escenario epidemiológico y contribuir a la protección de la avicultura nacional y la salud pública.

# Referencias


- ARIYAMA, N. et al. Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus in Wild Birds, Chile. *Emerging Infectious Diseases*, Atlanta, v. 29, n. 9, 2023. Disponible en: https://wwwnc.cdc.gov/eid/. Acceso: 10 ago. 2026.
- EUROPEAN FOOD SAFETY AUTHORITY (EFSA). Avian influenza. Parma: EFSA, 2026. Disponible en: https://www.efsa.europa.eu. Acceso: 10 ago. 2026.
- EUROPEAN FOOD SAFETY AUTHORITY (EFSA). Avian influenza: new outbreaks expected in Europe until winter ends. Parma: EFSA, 11 dic. 2025. Disponible en: https://www.efsa.europa.eu. Acceso: 10 ago. 2026.
- EUROPEAN FOOD SAFETY AUTHORITY (EFSA); EUROPEAN CENTRE FOR DISEASE PREVENTION AND CONTROL (ECDC); EUROPEAN UNION REFERENCE LABORATORY (EURL). Avian influenza overview Diciembre de 2025–Febrero de 2026. *EFSA Journal*, v. 24, 2026.
- EFSA AHAW PANEL (EFSA Panel on Animal Health and Welfare); MORE, S.; BICOUT, D.; BØTNER, A.; et al. Scientific opinion on avian influenza. *EFSA Journal*, v. 15, n. 10, art. 4991, 2017. DOI: 10.2903/j.efsa.2017.4991.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO); WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO); WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH (WOAH). Updated joint FAO/WHO/WOAH public health assessment of recent highly pathogenic avian influenza A(H5) virus events in animals and people. Roma: FAO, 20 de mayo de 2026. Disponible en: https://www.fao.org. Acceso: 10 ago. 2026.
- MARTELLI, L. et al. Study of the interface between wild bird populations and poultry and their potential role in the spread of avian influenza. *Microorganisms*, v. 11, n. 10, art. 2601, 2023. DOI: 10.3390/microorganisms11102601.
- Mortality in sea lions is associated with the introduction of the H5N1 clade 2.3.4.4b virus in Brazil Octubre de 2023: whole genome sequencing and phylogenetic analysis. 2024.
- Cross-species and mammal-to-mammal transmission of clade 2.3.4.4b highly pathogenic avian influenza A/H5N1 with PB2 adaptations. 2025.
- *Relatório de áreas de concentração de aves migratórias no Brasil* [Informe sobre las áreas de concentración de aves migratorias en Brasil]. Cabedelo, PB: CEMAVE/ICMBio. 2022. 4.ª edición
- RIVETTI JUNIOR, A. V.; REISCHAK, D.; OLIVEIRA, C. H. S. de et al. *Phylodynamics of avian influenza A(H5N1) viruses from outbreaks in Brazil*. Virus Research, v. 347, p. 199415, 2024. DOI: 10.1016/j.virusres.2024.199415.

- RIVETTI JUNIOR, A. V.; REISCHAK, D.; CARNEGIE, L. et al. *Genomic diversity and reassortment of highly pathogenic avian influenza A/H5N1 virus (clade 2.3.4.4b) in Brazil: Evidence of multiple introductions and intra-epidemic reassortment in 2025*. Virology, v. 615, p. 110751, 2026. DOI: 10.1016/j.virol.2025.110751.
- SILVA, M. S. et al. Incursion of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus, Brasil, 2023. *Emerging Infectious Diseases*, Atlanta, v. 30, 2024.
- SOUZA, C. K. et al. Phylodynamics of avian influenza A(H5N1) viruses from outbreaks in Brazil. 2024.
- Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus outbreak in Peru in 2022–2023. 2024.
- Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) from Wild Birds, Poultry, and Mammals, Peru. *Emerging Infectious Diseases*, Atlanta, 2023.
- WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH (WOAH). Avian influenza. Paris: WOAH. Disponible en: https://www.woah.org. Acceso: 10 ago. 2026.
- WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH (WOAH). Avian influenza: understanding new dynamics to better combat the disease. Paris: WOAH, 2025. Disponible en: https://www.woah.org. Acceso: 10 ago. 2026.
- WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH (WOAH). Statement on the impact of HPAI on wildlife worldwide. París: WOAH, 18 dic. 2025. Disponible en: https://www.woah.org. Acceso: 10 ago. 2026.
- WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH (WOAH). Terrestrial Animal Health Code. Chapter 10.4: Infection with high pathogenicity avian influenza viruses. Paris: WOAH. Disponible en: https://www.woah.org. Acceso: 10 ago. 2026.

# ANEXOS

Tabla 1. Muestras secuenciadas e identificación de genotipos resultantes de la vigilancia oficial del virus de la influenza aviar altamente patógena en Brasil

| ID | UF | Municipio | Especie | Fecha de detección | Genotipo | Cobertura de la secuenciación |
|---|---|---|---|---|---|---|
| **1** | ES | Cariacica | Charrán patinegro americano | 15/05/2023 | — | Parcial |
| **2** | ES | Cariacica | Charrán patinegro americano | 15/05/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **3** | ES | Cariacica | Piquero pardo | 15/05/2023 | — | Parcial |
| **4** | ES | Serra | Autillo chóliba | 26/05/2023 | — | Parcial |
| **5** | ES | Serra | Autillo chóliba | 26/05/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **6** | RJ | Niterói | Fragata | 03/06/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **7** | SP | Ubatuba | Charrán real | 05/06/2023 | — | Parcial |
| **8** | SP | Ubatuba | Charrán real | 05/06/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **9** | BA | Caravelas | Charrán real | 06/06/2023 | — | Parcial |
| **13** | SC | Itapoá | Charrán real | 25/07/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **14** | SC | — | Gallina de Guinea | 15/07/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **15** | PR | Antonina | Charrán real | 23/06/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **16** | ES | Itapemirim | Gavilán cangrejero grande | 07/06/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **17** | MS | Bonito | Gallina | 22/09/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **19** | SC | São Francisco do Sul | Piquero pardo | 27/09/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **20** | RS | Rio Grande | León marino de la Patagonia | 03/10/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **21** | RS | Torres | León marino de la Patagonia | 11/10/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **23** | ES | Piúma | Charrán común | 27/05/2023 | — | Parcial |
| **24** | SC | Penha | Tero común | 29/08/2023 | — | Parcial |
| **25** | SP | Bertioga | Pardela chica | 18/09/2023 | — | Parcial |
| **27** | RS | São José do Norte | Charrán real | 13/10/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **28** | RS | — | Lobo marino sudamericano | 06/10/2023 | — | Parcial |
| **30** | SP | Bertioga | Chorlito dorado americano | 08/11/2023 | — | Parcial |
| **31** | SP | Bertioga | Chorlito dorado americano | 08/11/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **32** | SP | São Sebastião | Petrel negro | 09/11/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **33** | SC | Penha | Charrán común | 09/11/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **34** | SP | Ubatuba | Petrel negro | 10/11/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **35** | PR | Matinhos | Charrán patinegro americano | 14/11/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **36** | SP | Ilha Comprida | Charrán patinegro americano | 16/11/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **37** | SP | Praia Grande | Charrán real | 13/12/2023 | B3.2 | Genoma completo |
| **38** | ES | Itapemirim | Charrán común | 02/02/2024 | B3.2 | Genoma completo |
| **39** | RJ | Macaé | Charrán común | 09/02/2024 | B3.2 | Genoma completo |
| **40** | SP | Bertioga | Charrán patinegro americano | 22/02/2024 | B3.2 | Genoma completo |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| **41** | ES | Piúma | Charrán común | 02/03/2024 | B3.2 | Genoma completo |
| **42** | RJ | São João da Barra | Charrán común | 02/03/2024 | — | Parcial |
| **43** | RJ | São Francisco de Itabapoana | Charrán común | 02/03/2024 | B3.2 | Genoma completo |
| **44** | RJ | Cabo Frio | Charrán común | 09/03/2024 | B3.2 | Genoma completo |
| **45** | RJ | Rio das Ostras | Charrán común | 15/03/2024 | B3.2 | Genoma completo |
| **48** | ES | Vitória | Charrán patinegro americano | 26/04/2024 | B3.2 | Genoma completo |
| **51** | RJ | Macaé | Charrán patinegro americano | 12/04/2024 | B3.2 | Genoma completo |
| **52** | RJ | São Francisco de Itabapoana | Charrán común | 05/04/2024 | B3.2 | Genoma completo |
| **56** | RS | Sapucaia do Sul | Cisne negro | 15/05/2025 | K.8 | Genoma completo |
| **57** | RS | Sapucaia do Sul | Cisne de cuello negro | 15/05/2025 | — | Genoma completo |
| **58** | RS | Montenegro | Gallina | 15/05/2025 | — | Genoma completo |
| **59** | MG | Mateus Leme | Cisne negro | 25/05/2025 | — | Genoma completo |
| **60** | MG | Mateus Leme | Cisne negro | 25/05/2025 | — | Genoma completo |
| **61** | RS | Montenegro | Hornero | 28/05/2025 | — | Genoma completo |
| **62** | MT | Campinápolis | Gallina | 07/06/2025 | — | Genoma completo |
| **63** | DF | Brasília | Sirirí pampa | 03/06/2025 | N.1 | Genoma completo |
| **64** | DF | Brasília | Emu | 14/06/2025 | — | Genoma completo |
| **65** | GO | Santo Antônio da Barra | Gallina | 13/06/2025 | — | Genoma completo |
| **67** | ES | São Mateus | Sirirí pampa | 27/06/2025 | — | Genoma completo |
| **69** | SP | São Paulo | Gallina | 11/07/2025 | — | Genoma completo |
| **70** | CE | Quixeramobim | Gallina | 17/07/2025 | — | Genoma completo |
| **71** | RJ | Rio de Janeiro | Gallina de Guinea | 22/07/2025 | — | Genoma completo |
| **72** | SP | Monte Azul Paulista | Gallina | 23/07/2025 | — | Genoma completo |
| **74** | MG | Mateus Leme | Ganso | 25/05/2025 | N.1 | Genoma completo |
| **75** | MT | Cuiabá | Pavo | 23/12/2025 | — | Parcial |
| **76** | MT | Acorizal | Gallina | 16/01/2026 | — | Parcial (HA, NP, NA, MP y NS) |
| **77** | MT | Cuiabá | Gallina | 23/12/2025 | N.1 | Genoma completo |
| **78** | RS | Santa Vitória do Palmar | Caporoca | 03/03/2026 | — | Genoma completo |
| **79** | SP | Guaíra | Sirirí pampa | 15/07/2026 | — | Genoma completo |
| **80** | RS | Coqueiros do Sul | Gallina | 17/07/2026 | — | Genoma completo |



MINISTERIO DA
AGRICULTURA
E PECUÁRIA