



DT-07

Tipo de Documento ¹ :	(DI)
Presentado por:	(PE)
Tipo de Sesión	(C)
Punto de Agenda	(13)

INFLUENZA AVIAR TIPO A ALTAMENTE PATOGENA (HPAI) EN EL PERÚ Y SU IMPLICANCIA EN LA ANTÁRTIDA

¹ El documento puede ser informativo (DI) o de trabajo (DT)

INFLUENZA AVIAR TIPO A ALTAMENTE PATOGENA (HPAI) EN EL PERÚ Y SU IMPLICANCIA EN LA ANTÁRTIDA

Por la Dirección de Asuntos Antárticos

Resumen

Se presenta una breve descripción de la situación actual de la diseminación de la influenza aviar de alta patogenicidad (HPAI) clado 2.3.4.4b H5N1 en el Perú. Al 28 de agosto de 2023, se han confirmado 263 casos de HPAI H5N1 en animales en el país. De 1825 muestras analizadas, 251 (95.44%) corresponden a aves y 12 (4.56%) a mamíferos que resultaron positivas al virus. De las aves positivas, 29 corresponden a aves silvestres y de los mamíferos positivos 10 corresponden a lobos marinos (*Otaria flavescens*), 1 a delfín (*Tursiops truncatus*) y otro a león (*Panthera leo*). Por ello resulta de interés estandarizar protocolos para prevenir el ingreso y/o diseminación del virus.

Introducción

La Organización Mundial de Salud Animal continúa notificando la circulación de influenza aviar de alta patogenicidad (HPAI) en aves de corral, aves silvestres y mamíferos, principalmente en Europa, América y Asia. En Perú, el 22 de noviembre del 2022 el Servicio Nacional de Sanidad Agraria informó casos de HPAI H5 en pelícanos en Lambayeque y progresivamente en otras regiones del país.

Descripción general

El virus de la influenza aviar (IA) comprende las cepas aviares del virus de la influenza A (especie *Alphanfluenzavirus influenzae*, familia *Orthomyxoviridae*). En las aves silvestres los IA son de baja patogenicidad (LPAI), lo que no causa signos clínicos en las aves silvestres (Olsen *et al.*, 2006). Los principales reservorios huéspedes de los virus LPAI son miembros de los Anseriformes (patos, gansos, cisnes) y Charadriiformes (aves playeras, gaviotas, charranes), sin embargo, los patos *Anas* son reservorios de la mayor diversidad (subtipos HA-NA) (Latorre-Margalef *et al.*, 2014).

Los subtipos H5 y H7 podrían volverse altamente patógenos en aves de corral y luego escapar a las poblaciones silvestres (De Bruin *et al.*, 2022). En 2021, a través de cambios genéticos claves en el virus, se detectó el clado 2.3.4.4b HPAI H5N1, que ha reemplazado a la mayoría de los clados genéticos de la HPAI H5Nx que circulan a nivel mundial.

En el Perú el Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades (CDC-Perú) del Ministerio de Salud (MINSA), hasta el 28 de agosto de 2023 han confirmado 263 casos de HPAI H5N1 en animales en el país. Del total, 251 (95.44%) corresponden a aves y 12 (4.56%) a mamíferos.

De acuerdo con la Sala de Influenza aviar del MINSA² se puede apreciar la dispersión de todas las aves de traspato y silvestres (Figura 1); así como de todos los casos positivos a HPAI en aves en general (Cuadro 1) y de aves silvestres y mamíferos acuáticos (Cuadro 2).

² <https://www.dge.gob.pe/influenza-aviar-ah5/#nacional>

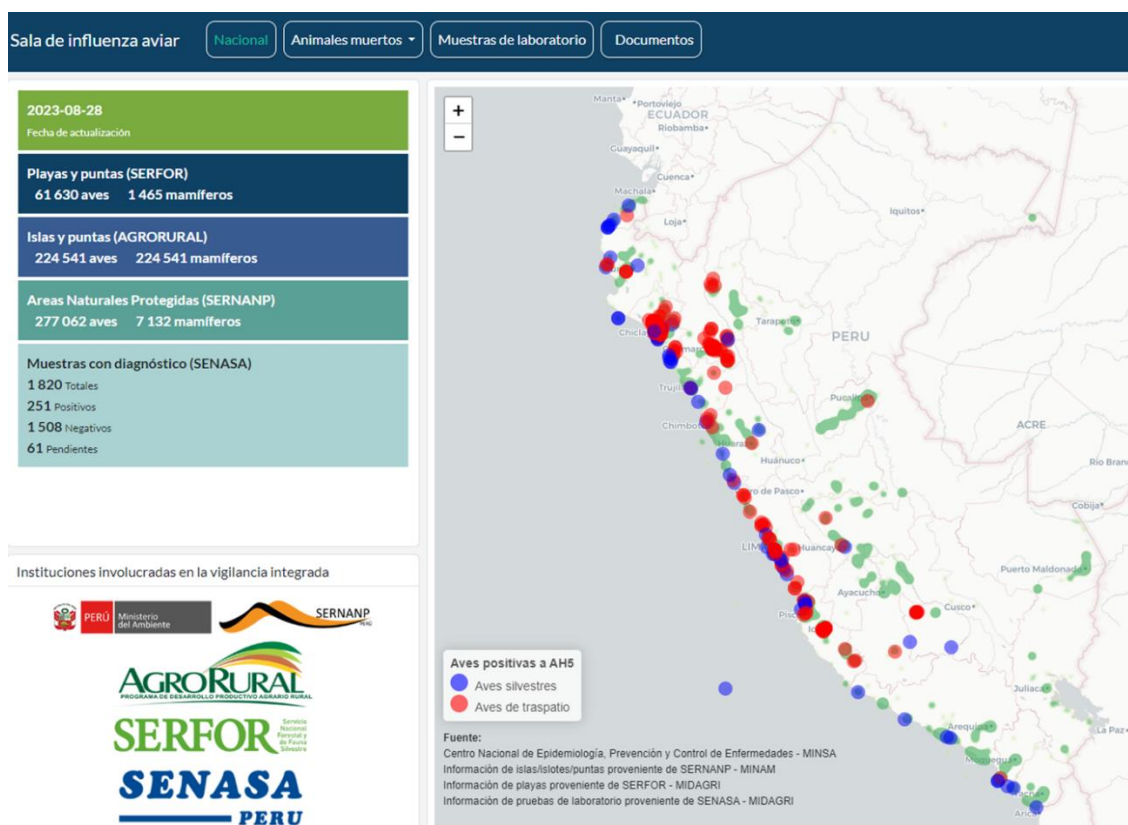


Figura 1. Dispersión de casos de aves positivas a HPAI H5N1 en el Perú

Cuadro 1. Casos positivos a HPAI H5N1 en aves

Departamento	Negativo	Pendiente	Positivo	Total	%
Lambayeque	200	2	71	273	15
Ica	171	3	25	199	10.9
Arequipa	163	7	5	175	9.6
Cajamarca	122	1	46	169	9.3
Ucayali	142	2	1	145	7.9
Lima	77	0	37	114	6.2
La Libertad	73	5	17	95	5.2
Ancash	75	8	10	93	5.1
Piura	71	1	13	85	4.7
Amazonas	52	7	4	63	3.5
Junín	55	2	3	60	3.3
Moquegua	47	6	3	56	3.1
Tacna	45	3	3	51	2.8
Ayacucho	38	4	2	44	2.4
Huancavelica	38	3	0	41	2.2
Madre De Dios	33	1	0	34	1.9
Puno	24	3	0	27	1.5

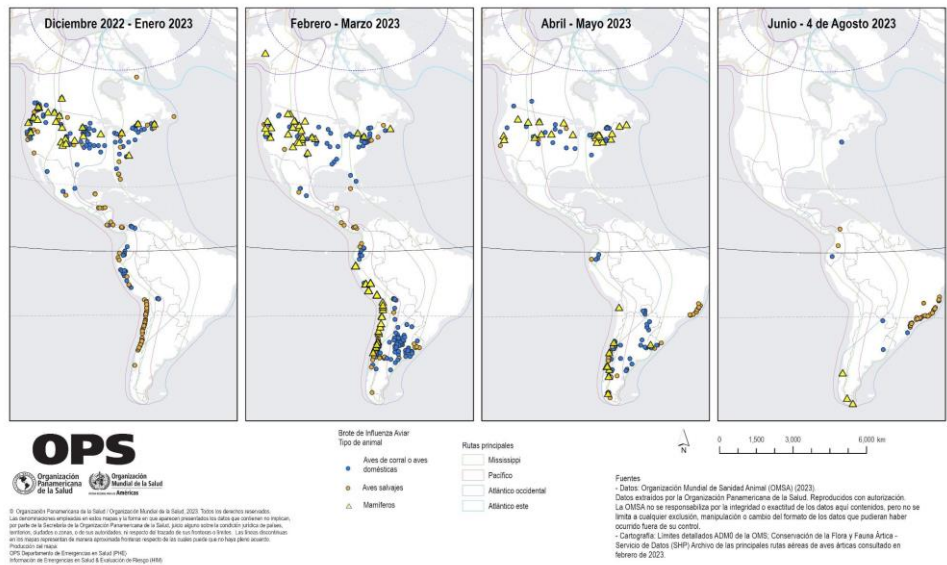
Apurímac	15	0	6	21	1.2
Tumbes	16	1	4	21	1.2
Cusco	17	1	0	18	1
San Martín	15	1	0	16	0.9
Pasco	12	0	0	12	0.7
Callao	6	0	1	7	0.4
Huánuco	3	0	0	3	0.2
Loreto	3	0	0	3	0.2
Total	1513	61	251	1825	

Cuadro 2. Casos positivos en aves silvestres, mamíferos y mamíferos acuáticos

Departamento	Aves silvestres	Delfín	León	Lobo marino	Total
La Libertad	1	0	0	0	1
Lima	22	0	0	3	25
Piura	6	1	0	0	7
Junín	0	0	1	0	1
Arequipa	0	0	0	1	1
Ica	0	0	0	6	6
Total	29	1	1	10	41

Por otro lado, la ruta potencial de ingreso de la HPAI a las regiones subantártica y antártica es incierta. Asimismo, los brotes de la enfermedad en distintas zonas de migración a lo largo del litoral de los países de América del Sur (Figura 2) podrían permitir que aves vectores o enfermas que lleguen de otras latitudes contagien aves que se dirijan a la Antártida, dispersando la enfermedad en un marco más amplio.

Figura 2. Brotes de influenza aviar y principales rutas migratorias de aves silvestres. Región de las Américas, diciembre de 2022 a 4 de agosto de 2023 (Fuente OPS)



Desde 2020, una variante del HPAI perteneciente al clado H5 2.3.4.4b ha causado un número importante de muertes en aves silvestres y aves de corral en diversos países de África, Asia y Europa. En 2021, el virus se propagó a América del Norte y, en 2022, a América Central y del Sur. En 2023, varios países reportaron brotes, principalmente en las Américas. Se han reportado varios eventos de muerte masiva en aves silvestres causados por virus de la cepa HPAI H5 clado 2.3.4.4b. De acuerdo con el patrón estacional de la HPAI observado en la figura 2, se puede apreciar que en Sudamérica inicia los casos en el último trimestre del año (octubre a diciembre) y alcanza su punto máximo entre febrero a marzo.

Conclusiones

Se concluye que existiría riesgo del ingreso del clado 2.3.4.4b del HPAI H5N1 a la Antártida por intermedio de aves silvestres migratorias, mamíferos acuáticos.

Recomendaciones

Se recomienda desarrollar protocolos en conjunto para prevenir el ingreso y/o diseminación del virus por intermedio de aves migratorias, mamíferos acuáticos. Así como de procedimientos de cómo actuar si un ave muere a bordo con signos compatibles con la enfermedad, o del proceder frente a aves y/o mamíferos acuáticos que mueren en los alrededores de las estaciones en la Antártida.

Bibliografía

1. De Bruin ACM, Funk M, Spronken MI, Gultyaev AP, Fouchier RAM, Richard M. 2022. Hemagglutinin Subtype Specificity and Mechanisms of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus Genesis. *Viruses*. 14(7):1566.
2. Latorre-Margalef N, Tolf C, Grosbois V, Avril A, Bengtsson D, Wille M, Osterhaus AD, Fouchier RA, Olsen B, Waldenström J. 2014. Long-term variation in influenza A virus prevalence and subtype diversity in migratory mallards in northern Europe. *Proceedings Royal Society B*. 26;281(1781):20140098.
3. Olsen, B., Munster, V.J., Wallensten, A., Waldenström, J., Osterhaus, A.D. and Fouchier, R.A., 2006. Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science*, 312(5772), pp.384-388.
4. Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Actualización Epidemiológica: Brotes de influenza aviar causados por influenza A(H5N1) en la Región de las Américas. 9 de agosto de 2023, Washington, D.C.: OPS/OMS; 2023
5. Sala de Influenza aviar del MINSA. (2023). <https://www.dge.gob.pe/influenza-aviar-ah5/#nacional>