

EVALUACIÓN DE RIESGO DE ENTRADA DE VIRUS INFLUENZA AVIAR DE ALTA PATOGENICIDAD (IAAP) H5N8 EN CATALUNYA (Julio del 2020)

INTRODUCCIÓN

Desde finales de diciembre 2019 se han producido en Europa una serie de brotes de Influenza Aviar Alta Patogenicidad (IAAP). A día 6 de julio de 2020, 333 brotes en doméstico y 5 brotes en salvaje han sido reportados en Polonia, Alemania, Hungría, Bulgaria, República Checa, Eslovaquia, y Rumanía (tabla 1) (OIE, 2020).

	Doméstico		Salvajes	
	Brotos (Fechas)	Especies	Brotos	Especies
Polonia	35 (Enero-Marzo)	Pavos, gallinas, gansos y pintadas	1	Azor
Alemania	3 (Febrero-Marzo)	Pavos y gansos	3	Ganso salvaje, anátida (sin especificar, ratonero común)
Hungría	276 (Enero-Junio)	Pavos, patos y otros (sin especificar)		
Bulgaria*	12 (Febrero-Junio)	Gallinas y patos		
República Checa	2 (Enero-Febrero)	Pavos y gallinas		
Eslovaquia	3 (Enero)	No especificadas	1	Anátidas (varias)
Rumanía	2 (Enero)	Gallinas		

Tabla 1: Distribución de casos de IAAP-H5N8 en aves domésticas y salvajes en Europa en 2019-2020.

* En Bulgaria también brotes por H5N2

En vista de esta situación el DARP (Departamento de Agricultura, Ganadería, Pesca y Alimentación) solicita al CRSA-IRTA una evaluación del riesgo de entrada del virus IAAP H5N8 en Catalunya.

La distribución espacial de casos de IAAP-H5N8 en aves domésticas y salvajes en Europa en 2019-2020 (a fecha de julio del 2020) se muestra en la Figura 1.

La distribución temporal de casos de IAAP-H5N8 en aves domésticas y salvajes en Europa en 2019-2020 (a fecha de julio del 2020) se muestra en la Figura 1.

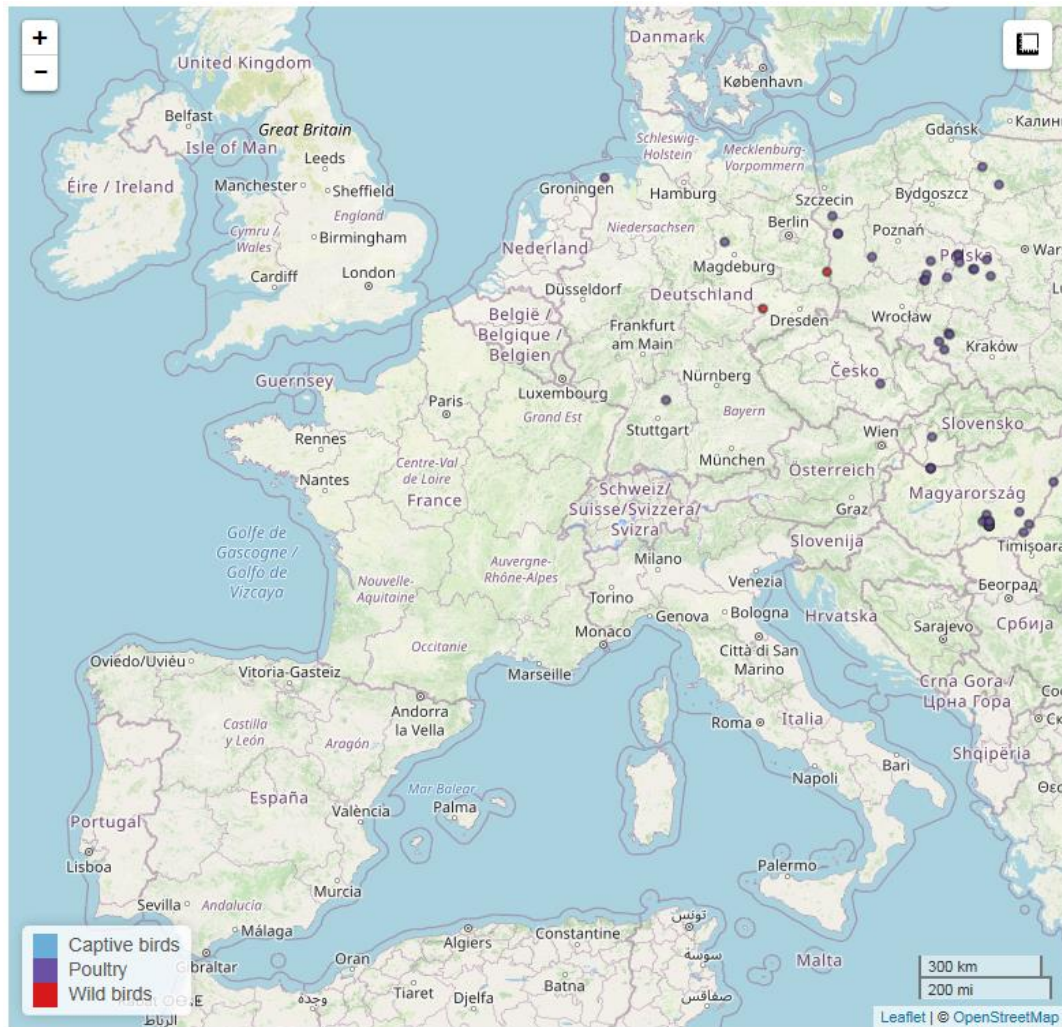


Figura 1: Distribución espacial de casos de IAAP-H5N8 en aves domésticas y salvajes en Europa en 2019-2020 (a fecha de julio del 2020). Plataforma ESA – Epidémi-surveillance (<https://shiny-public.anses.fr/shiny-vsi/>)

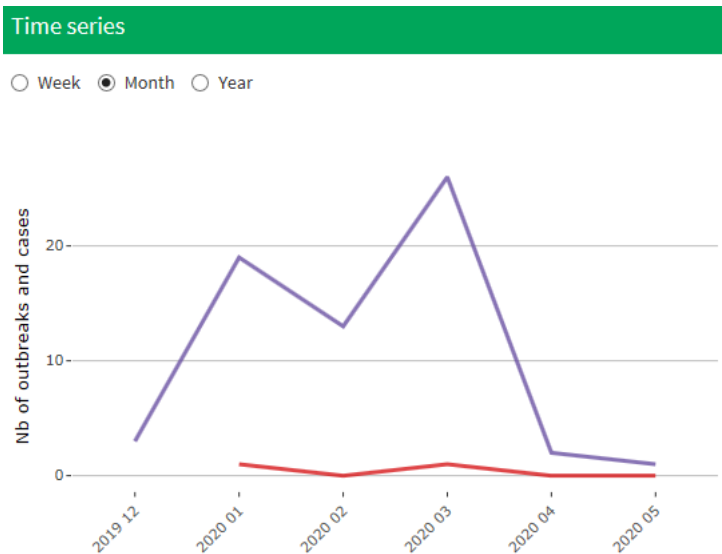


Figura 2: Distribución temporal de casos de IAAP-H5N8 en aves domésticas y salvajes en Europa en 2019-2020 (a fecha de julio del 2020). Plataforma ESA – Epidémiosurveillance (<https://shiny-public.anses.fr/shiny-vsi/>)

Características de los brotes

Los resultados de las investigaciones epidemiológicas llevadas a cabo por los países afectados (EU, 2020a; EU, 2020b; EU, 2020c; EU, 2020d, EU, 2020e.) indican que:

a- Los brotes fueron detectados inicialmente por vigilancia pasiva, esencialmente por un incremento significativo de la mortalidad. Posteriormente también detección de algún brote por vigilancia activa.

b- Afectadas aves domésticas de diferentes especies, más frecuentemente gansos y patos, pero también gallinas, pavos o pintadas.

c- Entre las granjas infectadas hay explotaciones de transpatio, pero también comerciales.

d- La fuente de infección considerada como más probable en la mayoría de los casos iniciales es el contacto con aves salvajes. Sin embargo, posteriormente (por ejemplo en la zona este de Polonia o en Bulgaria) parece haber habido cierta transmisión local por contacto directo o indirecto entre granjas (DEFRA, 2020).

e- A pesar de esta aparente implicación de las aves salvajes, no se ha observado mortalidad en aves salvajes, ni en las proximidades de las granjas infectadas, ni en otras áreas de los países afectados. De hecho, los casos reportados en aves se limitan a un ganso salvaje, una anátida y un ratonero común en Alemania, un azor en Polonia y varias anátidas de un zoo de Eslovaquia.

El análisis filogenético del virus aislado en Polonia indicó que era diferente de los virus aislados anteriormente en Europa, y parecía ser el resultado de la recombinación de virus H5N8 aislados en Sudáfrica en 2018 y Nigeria en 2019 con virus H3N8 aislados en Rusia en 2017 y 2018 (EU, 2020f). Por otro lado, los virus aislados en Hungría y Eslovaquia eran similares al de Polonia. Los resultados sugieren que podría tratarse de un virus reagrupado que puede haber surgido en Rusia antes de llegar a los países afectados, seguramente a través de aves migratorias.

EVALUACIÓN DEL RIESGO DE INTRODUCCIÓN DEL VIRUS IAAP-H5N8 EN CATALUNYA

Se pueden considerar dos vías principales para la introducción de los virus IA en el sector avícola de Catalunya, a partir de la importación de aves domésticas y a partir de aves salvajes migratorias.

Importación de aves domésticas

Evaluación del riesgo hasta enero de 2020

De cara a evaluar el potencial riesgo de introducción del virus IAAP-H5N8 en Catalunya, el DARP nos proporcionó los datos de entradas de aves y de huevos para incubar notificadas a través del TRACES (Trade Control and Expert System) durante todo 2019 y enero del 2020.

De estos datos se filtraron aquellos que procedían de los países recientemente afectados por el H5N8, y dentro de ellos se seleccionaron los movimientos incluidos dentro del periodo de riesgo, considerado, de forma conservadora, desde septiembre de 2019. De los movimientos seleccionados se obtuvieron las coordenadas de un punto aleatorio dentro del área determinada por la menor unidad geográfica disponible (municipalidad), y estos fueron ploteados junto con los brotes de H5N8 reportados en Europa (FAO, 2020a; OIE, 2020) (figura 3).

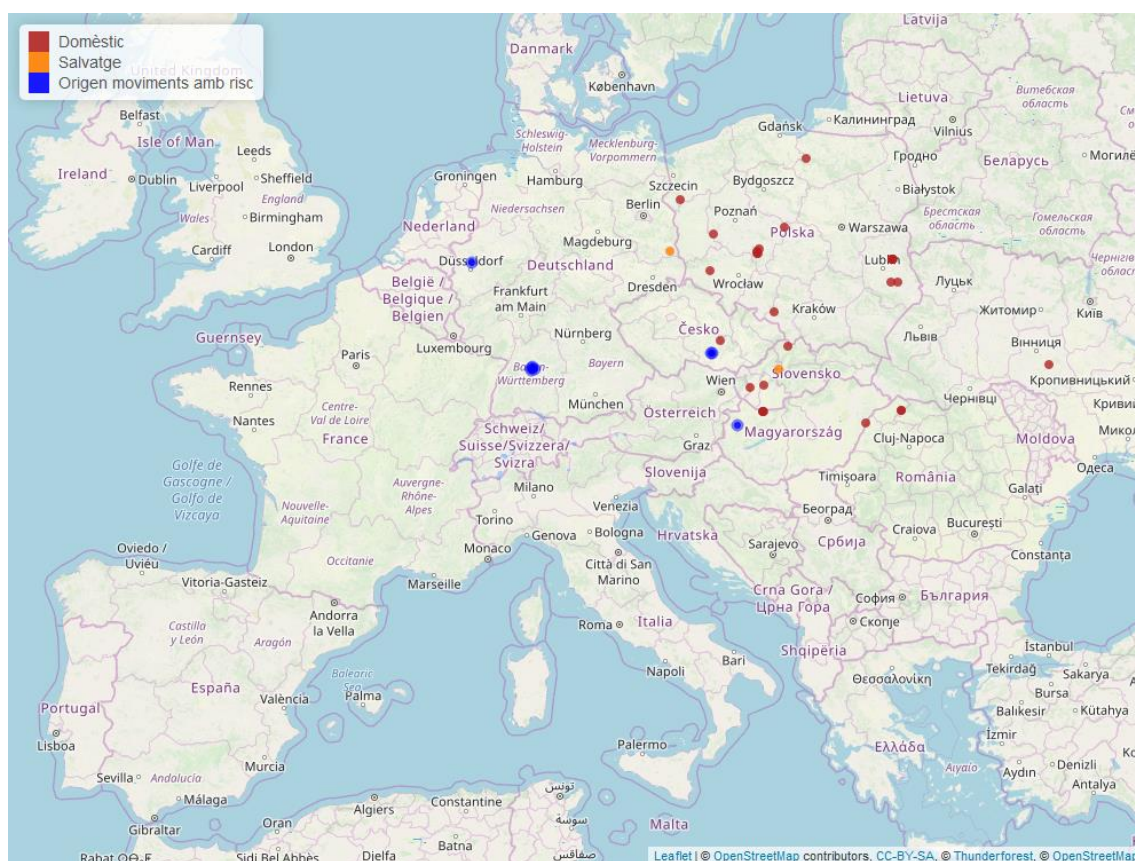


Figura 3: Distribución de casos de IAAP-H5N8 en aves domésticas y salvajes en Europa en 2019-2020, así como localizaciones de los orígenes de los movimientos considerados de riesgo (hasta enero del 2020).

Se identificó un movimiento de relativo riesgo (INTRA.CZ.2019.0040765) por la proximidad espacial entre la granja de origen y un brote de H5N8, así como la proximidad temporal entre el movimiento y la fecha del brote:

Movimiento				Foco			
Descripción	Destino	Origen	Fecha	Descripción	Localización	Fecha	Distancia
2080 aves de puesta de la especie <i>Gallus domesticus</i> (peso de <= 185 g)	Sant Martí Sarroca (Barcelona)	Vysocina (República Checa)	20/12/2019	Aves domésticas (sin especificar)	Štěpánov nad Svratkou (República Checa)	17/01/2020	41.9 kilómetros

Y otro potencial movimiento de riesgo (INTRA.HU.2019.0031013), aunque en este caso mucho menor:

Movimiento				Foco			
Descripción	Destino	Origen	Fecha	Descripción	Localización	Fecha	Distancia
61920 huevos de gallina (<i>Gallus gallus</i>) para incubar	Vinyols i els Arcs (Tarragona)	Uraiújfalu (Hungría)	06/11/2019	Patos y pavos	Ács (Hungría)	09/01/2020	83.2 kilómetros

Hay que tener en cuenta que, hasta la fecha, no ha habido evidencias científicas de la transmisión vertical de virus IAAP la a los pollitos de un día obtenidos de huevos procedentes de reproductoras infectadas (Malladi y col., 2015; FAO, 2020b).

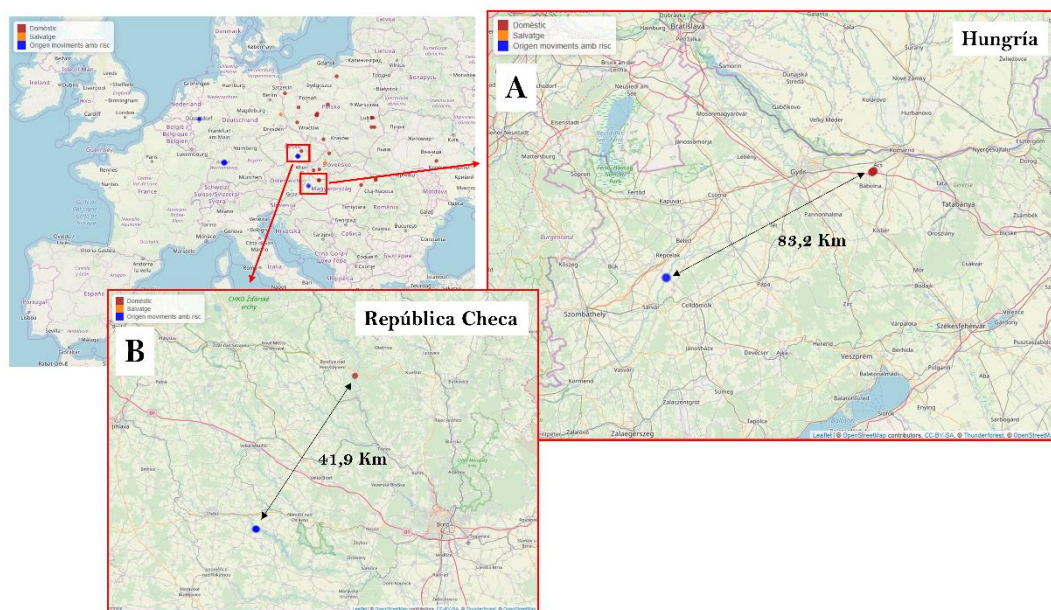


Figura 4: Distribución de los movimientos considerados de mayor riesgo en Hungría y la República Checa.

Por otro lado, los datos de entradas de aves y de huevos para incubar notificadas a través del TRACES que llegaron a Catalunya desde los países actualmente afectados por el H5N8 en el 2019 indican que no existe un gran volumen de movimientos desde esos países. En total, en 2019, se produjeron 27 movimientos a Catalunya, 9 desde Alemania, 2 desde Hungría, y 16 desde la República Checa, y de ellos más de la mitad (14) tenían como destino el Zoo de Barcelona.

Actualización de datos: Evaluación del riesgo de enero a julio de 2020

De cara a actualizar la evaluación de riesgo se han incluido datos de brotes de H5N8 reportados en Europa, así como de importaciones de aves de entre enero y julio de 2020.

Se identificaron dos movimientos desde países afectados (figura 5).

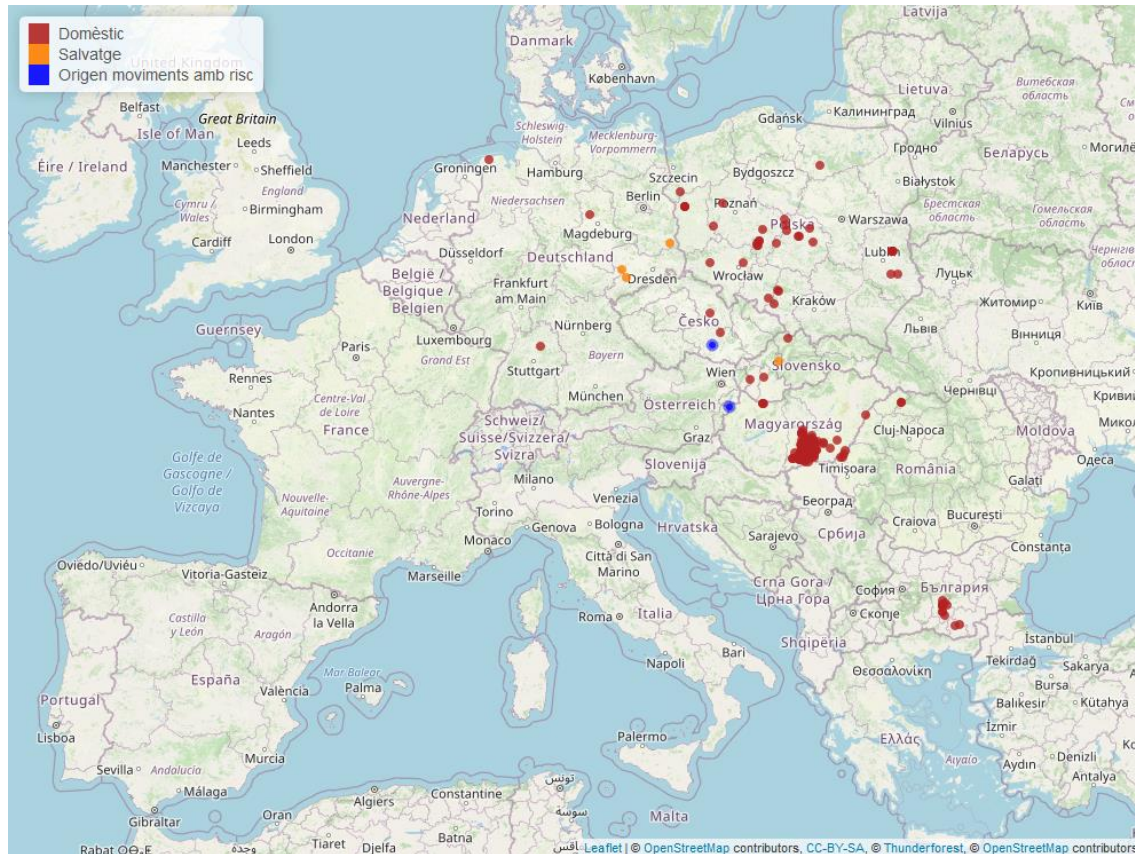


Figura 5: Distribución de casos de IAAP-H5N8 en aves domésticas y salvajes en Europa en 2020, así como localizaciones de los orígenes de los movimientos considerados de riesgo (de enero a julio de 2020).

El primero es un movimiento de 2560 gallinas ponedoras desde Koněšín (República Checa) a Sant Cugat Sesgarrigues (Barcelona) en marzo del 2020. A pesar de que el origen del movimiento estaba situado a 40.3 kilómetros de un brote de H5N8, dicho brote había ocurrido en enero, y no se produjeron más brotes en la zona.

Movimiento				Foco			
Descripción	Destino	Origen	Fecha	Descripción	Localización	Fecha	Distancia
2560 gallinas ponedoras	Sant Cugat Sesgarrigues (Barcelona)	Koněšín (República Checa)	05/03/2020	Doméstico (sin especificar)	Štěpánov nad Svratkou (República Checa)	09/01/2020	40.3 kilómetros

El segundo es un movimiento de 7700 aves de la especie *Gallus domesticus* desde Nagycenk (Hungría) a Cambrils (Tarragona) en febrero del 2020. Sin embargo, el origen del movimiento estaba situado a casi 100 kilometros del brote de H5N8 más próximo, y dicho brote había ocurrido en enero.

Movimiento				Foco			
Descripción	Destino	Origen	Fecha	Descripción	Localización	Fecha	Distancia
7700 aves de la especie <i>Gallus domesticus</i>	Cambrils (Tarragona)	Nagycenk (Hungría)	11/02/2020	Doméstico (pavos)	Komárom-Esztergom (Hungría)	15/01/2020	98.2 kilometros

Aves salvajes migratorias

Tradicionalmente las aves de los Órdenes Anseriformes (particularmente patos, gansos y cisnes) y Charadriiformes (particularmente las gaviotas, charranes y aves costeras) constituyen el principal reservorio natural para los virus de influenza aviar (Munster y col., 2007).

En particular se han encontrado prevalencias muy elevadas de virus IA en los patos de superficie (género *Anas*) en comparación con otras especies (Munster y col., 2007). El comportamiento de los patos de superficie favorece la transmisión de los virus de IA excretados en heces que se acumulan en las aguas superficiales. En estas aves los virus de IA no causan sintomatología (con la excepción de algunos virus de alta patogenicidad), y dan lugar a una respuesta inmune leve que puede conferir protección parcial frente a virus del mismo subtipo, pero difícilmente frente a otros subtipos.

Estudios realizados en el norte de Europa entre 1998 y 2006, con 36,809 aves pertenecientes a 323 especies diferentes, indicaron que las prevalencias más altas de virus IA se encontraron en: ánade real o azulón (Ànec collverd) (*Anas platyrhynchos*): 7.3%; cerceta común (Xarxet comú) (*Anas crecca*): 6.4%; porrón moñado (Morell de plomall) (*Aythya fuligula*): 3.2%; y Mareca penelope o silbón europeo (Ànec xiulador) (*Anas penelope*): 3.0% (Munster y col., 2007) (figura 3).

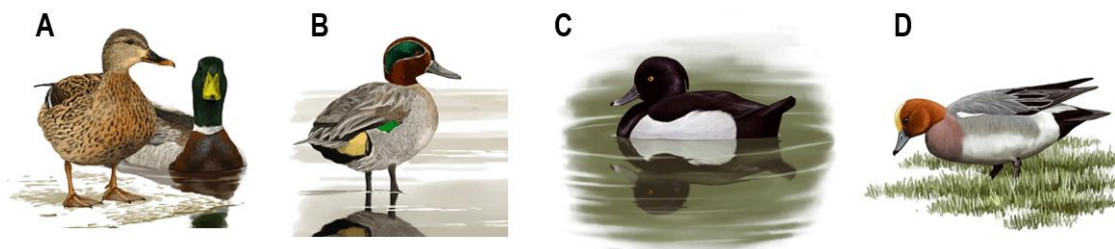


Figura 3: A. Ánade real o azulón (Ànec collverd); B. Cerceta común (Xarxet comú); C. Porrón moñado (Morell de plomall); D. Mareca penelope o silbón europeo (Ànec xiulador).

Teniendo en cuenta las prevalencias anteriores, y sus poblaciones en Catalunya en 2018 (DTES, 2020), las especies más relevantes de cara al riesgo de introducción de virus IAAP en Catalunya son: a) el ánade real (70.087 individuos), y b) la cerceta común (29.370 individuos).

Sin embargo, en el caso del **ánade real** se considera mayoritariamente residente, aunque existe una pequeña cantidad de migrantes e invernantes que varía según la crudeza del invierno (Tomás Montalvo comunicación personal; SIOC, 2020). Los datos de recuperaciones históricas de aves anilladas indican que potencialmente podrían proceder de zonas afectadas (República Checa) (figura 4-A). En cualquier caso, hay que tener en cuenta que la época habitual de migración desde áreas al norte y al este tienen lugar entre agosto y noviembre (BTO, 2020a).

Por contra, la **cerceta común** se considera mayoritariamente migrante e invernante. Los datos de recuperaciones históricas de aves anilladas indican que potencialmente también podrían proceder de zonas afectadas (República Checa) (figura 4-B). Y la época habitual de migración desde áreas al norte y al este tienen lugar entre julio y octubre (BTO, 2020b).

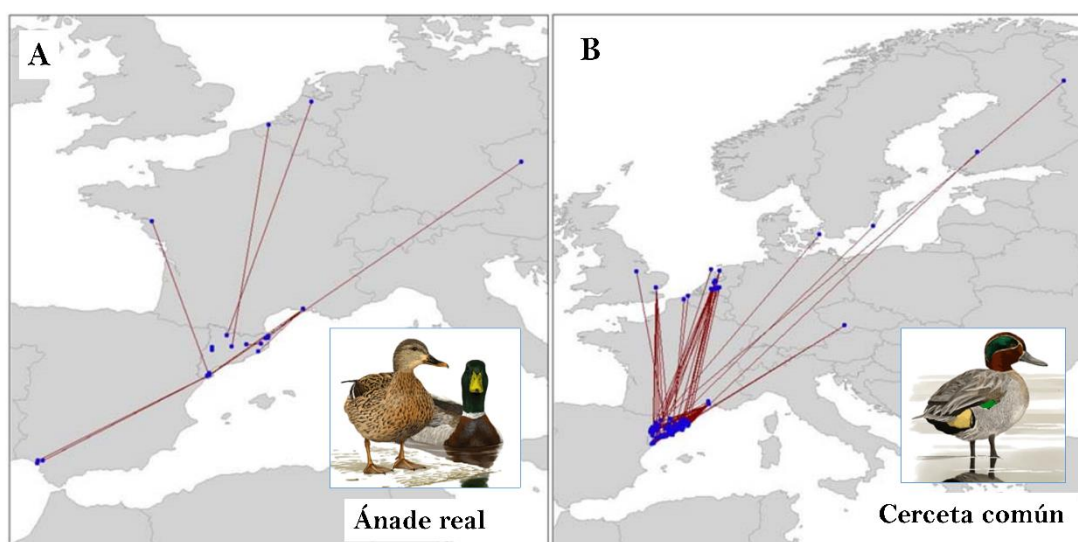


Figura 4: Recuperaciones históricas de aves anilladas. A) Ánade real y B) Cerceta común (SIOC, 2020).

El **porrón moñudo** y la **mareca penelope** tienen prevalencias de virus IAAP más bajas, y además tienen poblaciones mucho más reducidas en Catalunya, 107 y 3.237 individuos respectivamente.

Por otro lado, en las epidemias más recientes en Europa (por H5N1 en 2005-2006, y por H5N8 en 2014-2015 y 2016-2017), los cisnes, en particular el cisne mudo (Cigne mut) (*Cygnus olor*) y el cisne cantor (Cigne cantaire) (*Cygnus cygnus*) parecen haber jugado un papel epidemiológico muy relevante (Alarcón y col., 2018). Sin embargo, estas especies son muy poco frecuentes en Catalunya, en 2018 el censo de aves acuáticas contabilizaba 30 individuos de cisne mudo y ninguno de cisne cantor (DTES, 2020).

Por último, aunque raramente ha estado implicada en brotes de IAAP en Europa (Alarcón y col., 2018), la cigüeña blanca (*Ciconia ciconia*) estuvo implicada en el brote que tuvo lugar en Castelló d'Empúries en 2017, que además tuvo lugar en el mes de febrero y el virus mostraba 100% de homología con el virus aislado de aves de la República Checa (Napp y col., 2017; Sánchez y col., 2017), país actualmente afectado.

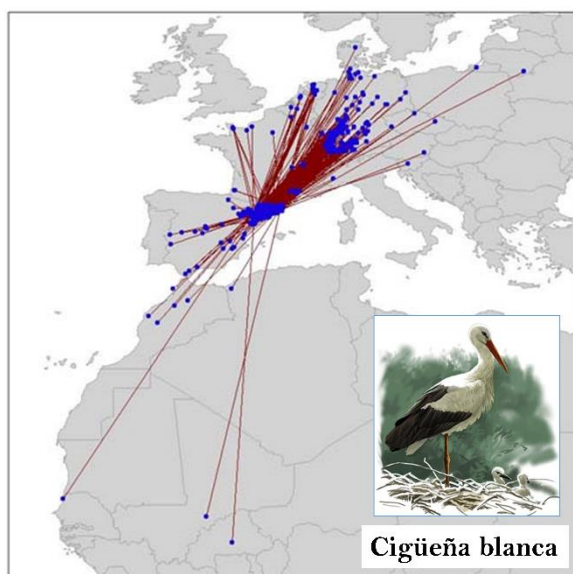


Figura 5: Recuperaciones históricas de cigüeña blanca (SIOC, 2020).

CONCLUSIONES

Epidemia

- Después de una relativamente rápida dispersión del virus en enero, la incidencia de la epidemia por H5N8 se redujo aparentemente en febrero, pero volvió a aumentar significativamente en marzo y abril, esencialmente a causa de los brotes en Hungría.

Movimientos

- Hubo un movimiento **en enero** que podría considerarse de relativo riesgo desde la República Checa, por su proximidad en espacio y tiempo con brotes de H5N8. Sin embargo, en el caso de que los animales hubieran venido infectados lo esperable hubiera sido una elevada mortalidad, cosa que no ha ocurrido. En base a los datos del año 2019 no parece haber un gran volumen de comercio con los países afectados. Desde enero, sólo hay dos movimientos desde países afectados por H5N8, pero no existe proximidad espacio-temporal entre brotes y movimientos.

Aves migratorias:

- Parecen haber jugado un rol esencial en la dispersión del H5N8 en Europa en 2019-2020. Por la época en que estamos, el **riesgo actual (a 6 de julio) de que lleguen aves migratorias infectadas por H5N8 procedentes de los países afectados es relativamente bajo** ya que el periodo de migraciones de las principales especies de riesgo hace meses que ha terminado (en octubre-noviembre). Por otro lado, tampoco puede descartarse que el virus ya hubiera llegado y pueda haberse mantenido de forma silenciosa circulando en aves salvajes (cabe recordar que no se ha observado mortalidad en aves salvajes en los países afectados). **En cualquier caso, si los brotes por H5N8 en Europa se mantienen a lo largo del verano, habrá que estar muy atentos a finales de verano-principios de otoño cuando comience la época de migraciones de aves.**
- Por la localización de los brotes y el volumen de migraciones desde zonas de riesgo, **la especie que puede considerarse de mayor riesgo es la cerceta común**, aunque no pueden descartarse otras como el ánade real o la cigüeña blanca.

RECOMENDACIONES

Como se indica en el documento del Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (MAPA, 2020):

- 1- **Reforzar las medidas de bioseguridad en las explotaciones avícolas**, especialmente aquellas medidas destinadas a evitar el contacto directo e indirecto con aves silvestres.
- 2- **Reforzar la vigilancia pasiva en explotaciones avícolas**, notificando a los servicios veterinarios oficiales cualquier sospecha de enfermedad de forma inmediata. Los estudios epidemiológicos de los recientes brotes por H5N8 en Europa indican que la enfermedad cursa con una elevada mortalidad, y que esto ocurre en diferentes especies de aves.
- 3- **Reforzar la vigilancia pasiva en aves silvestres**, notificando a las autoridades competentes cualquier sospecha de enfermedad de forma inmediata. A pesar de no haberse detectado mortalidad en aves salvajes por el reciente H5N8, la vigilancia de episodios de mortalidad en aves salvajes debe mantenerse.
- 4- **Incrementar la sensibilización de ganaderos, veterinarios de explotación, cazadores y toda la población en general sobre la IAAP.**

REFERENCIAS

Alarcon P, Brouwer A, Venkatesh D, Duncan D, Dovas CI, Georgiades G, Monne I, Fusaro A, Dan A, Śmietanka K, Ragias V, Breed AC, Chassalevris T, Goujgoulova G, Hjulager CK, Ryan E, Sánchez A, Niqueux E, Tammiranta N, Zohari S, Stroud DA, Savić V, Lewis NS, Brown IH. Comparison of 2016-17 and Previous Epizootics of Highly Pathogenic Avian Influenza H5 Guangdong Lineage in Europe. *Emerg Infect Dis.* 2018 Dec;24(12):2270-2283.

BTO (British Trust for Ornithology). 2020a. Migration mapping tool. Mallard (*Anas platyrhynchos*) movements. <https://www.bto.org/ai/pdfs/69move.pdf>

BTO (British Trust for Ornithology). 2020b. Migration mapping tool. Common Teal (*Anas crecca*) movements. <https://www.bto.org/ai/pdfs/68move.pdf>

DEFRA. 2020. Highly pathogenic avian influenza in Europe (Updated Situation Assessment #8). https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/858047/hpai-europe-update8-jan2020.pdf

DTES (Departament de Territori i Sostenibilitat). 2020. Cens ocells aquàtics 2018. http://mediambient.gencat.cat/web/.content/home/ambits_dactuacio/patrimoni_natural/fauna_salvatge_autoctona/cens_hivernal_ocells/censos/documents/censcat2018_av.pdf

EU (2020a). Standing Committee on Plants, Animals, Food and Feed Section Animal Health and Welfare. HPAI - Hungary. https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/animals/docs/reg-com_ahw_20200116_hpai_hun.pdf

EU (2020b). Standing Committee on Plants, Animals, Food and Feed Section Animal Health and Welfare. HPAI - Romania. https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/animals/docs/reg-com_ahw_20200116_hpai_rou.pdf

EU (2020c). Standing Committee on Plants, Animals, Food and Feed Section Animal Health and Welfare. HPAI H5N8 - Poland. https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/animals/docs/reg-com_ahw_20200116_hpai-h5n8_pol.pdf

EU (2020d). Standing Committee on Plants, Animals, Food and Feed Section Animal Health and Welfare. HPAI H5N8 - Slovakia.

https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/animals/docs/reg-com_ahw_20200116_hpai-h5n8_svk.pdf

EU. 2020e. Standing Committee on Plants, Animals, Food and Feed Section Animal Health and Welfare. HPAI outbreaks in Bulgaria 2020. https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/animals/docs/reg-com_ahw_20200618_hpai_bul.pdf

EU. 2020f. Standing Committee on Plants, Animals, Food and Feed Section Animal Health and Welfare. HPAI outbreaks summary - EC. https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/animals/docs/reg-com_ahw_20200116_hpai_eur.pdf

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations). 2020a. EMPRES-i: Global Animal Disease Information System. Retrieved from: <http://empres-i.fao.org/empres-i/home>

FAO. 2020b. Understanding avian influenza. http://www.fao.org/avianflu/documents/key_ai/key_book_ch3.3.htm

Malladi S, Weaver JT, Alexander CY, Middleton JL, Goldsmith TJ, Snider T, Tilley BJ, Gonder E, Hermes DR, Halvorson DA. Quantitative Estimation of the Number of Contaminated Hatching Eggs Released from an Infected, Undetected Turkey Breeder Hen Flock During a Highly Pathogenic Avian Influenza Outbreak. Avian Dis. 2015 Sep;59(3):355-67

MAPA (Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación). 2020. Actualización de la situación de la Influenza Aviar de Alta Patogenicidad en Centroeuropa. https://www.mapa.gob.es/gl/ganaderia/temas/sanidad-animal-higiene-ganadera/notaiacentroeuropa2020_tcm37-383530.pdf

Munster VJ, Baas C, Lexmond P, Waldenström J, Wallensten A, Fransson T, Rimmelzwaan GF, Beyer WE, Schutten M, Olsen B, Osterhaus AD, Fouchier RA. Spatial, temporal, and species variation in prevalence of influenza A viruses in wild migratory birds. PLoS Pathog. 2007 May 11;3(5):e61.

Napp S, Busquets N, Sánchez R, Biarnés M, Blanco A, Jové R, Massot C, Xifra J, Perarnau M, Majó M. 2017. Avinews: Historia del brote de influenza aviar de alta patogenicidad <https://avicultura.info/historia-del-brote-de-influenza-aviar-de-alta-patogenicidad/>

OIE (Organización Mundial de Sanidad Animal). 2020. Interfaz de la base de datos del sistema mundial de información zoonosanitaria (WAHID). https://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Diseaseinformation/diseasehome

SIOC (Servidor d'Informació Ornitològica de Catalunya). 2020. <http://www.sioc.cat/fitxa.php?sci=0&sp=CYGOLO>

Sánchez A, San Miguel E and Ruano MJ. 2017. H5N8 HPAI outbreak in wild birds and poultry in Spain 2017. Joint Twenty Third Annual Meetings of the National Laboratories for Avian Influenza and Union Newcastle Disease of European Member

States 2017. https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/animals/docs/ad_cm_ai_nrl-annual-meetings-23_pres-20.pdf

** Informe elaborado por Sebastian Napp (CReSA-IRTA). Fecha de actualización 07/07/2020*

Agradecimientos: Tomás Montalvo (Agència de Salut Pública de Barcelona) y Lola Pailler (CReSA-IRTA).