

# Aspectos ecológicos, genéticos y sanitarios de la Influenza Aviar<sup>φ</sup>

Yesenia Pineda-Aguilar<sup>1,2</sup>, Laura Conde-Ferrández<sup>1\*</sup>, Guadalupe Ayora-Talavera<sup>1</sup>

## Introducción

La influenza aviar (IA) es una enfermedad viral relevante en la interfaz entre la salud animal y humana, que es causada por el virus del género Influenzavirus A (familia Orthomyxoviridae). Este virus se caracteriza por una capacidad de mutación y recombinación elevadas que favorecen la aparición de variantes con diferente patogenicidad y rango de hospederos (Webster *et al.* 1992; WOAHA 2024).

Las aves acuáticas silvestres constituyen los principales reservorios naturales del virus, y desempeñan un papel central para su diseminación global a través de las rutas migratorias ya que facilitan el intercambio genético entre cepas de distintas regiones (Lycett *et al.* 2016). Desde estos reservorios, la infección puede transmitirse hacia aves domésticas y, de manera ocasional, hacia mamíferos incluidos seres humanos en función de factores ecológicos y antropogénicos (Lee *et al.* 2017; Olsen y Munster 2023). El objetivo de este trabajo es presentar una revisión sobre aspectos ecológicos, genéticos y sanitarios de la IA y destacar la necesidad de una visión integrada entre los sectores ambiental, veterinario y humano para enfrentar los retos de esta enfermedad.

<sup>φ</sup> <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad Autónoma Yucatán, <sup>2</sup>Laboratorio de Virología. Centro de Investigaciones Regionales Dr Hideyo Noguchi, Unidad Biomédica, Universidad Autónoma de Yucatán. \*[Laura.conde@correo.uady.mx](mailto:Laura.conde@correo.uady.mx)  
DOI: <http://doi.org/10.56369/BAC.6803>



## Ecología y reservorios de la IA

Los virus de IA tipo A se mantienen en la naturaleza por un ciclo biológico que integra aves silvestres, ambientes acuáticos y rutas migratorias. Las aves acuáticas silvestres de los órdenes Anseriformes y Charadriiformes son los reservorios naturales primarios ya que portan múltiples subtipos (H1–H16, N1–N9), con infecciones generalmente asintomáticas y localizadas en el tracto intestinal que permite la excreción del virus por heces y su llegada al agua (Olsen y Munster 2023).

El medio acuático funciona como un reservorio ambiental. En lagunas, humedales y zonas costeras, el virus puede permanecer por días o semanas dependiendo de la temperatura, pH y salinidad (Shi *et al.* 2023) y, por tanto, puede ser reintroducido de manera cíclica en las mismas poblaciones de aves migratorias sin requerir infecciones continuas. Sobre este sustrato ambiental actúan las rutas migratorias intercontinentales (Pacífico, Euroasiática, Atlántico Este y Asia–Australasia) que conectan poblaciones distantes y permiten el intercambio de cepas entre regiones.

En los sitios de congregación, como humedales y lagunas donde coinciden varias especies, se incrementa la coinfección y el reordenamiento genético lo que favorece la emergencia de variantes con diferente rango de hospedero (Lee *et al.* 2017).

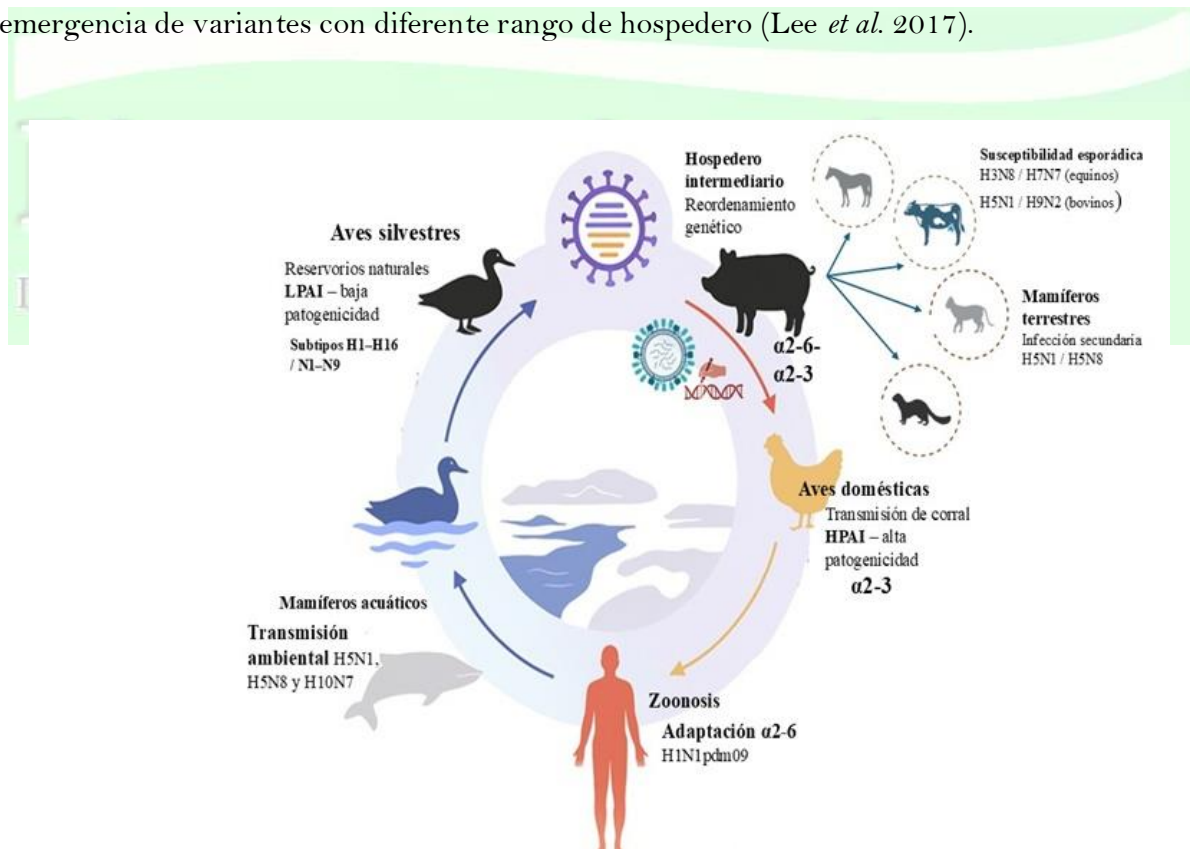


Figura 1. Ciclo ecológico de la IA. Las aves acuáticas silvestres son los reservorios naturales del virus, que puede transmitirse hacia aves domésticas y mamíferos, y favorecer la recombinación y el salto interespecie (Elaboración con BioRender).

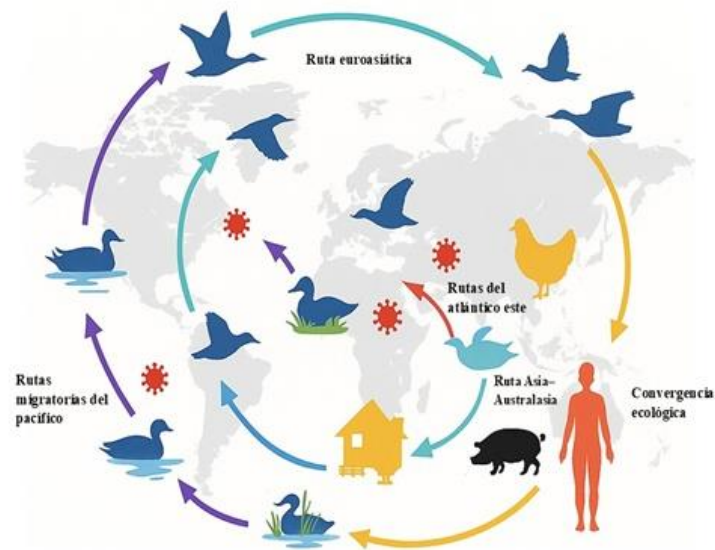


Figura 2. Los reservorios naturales facilitan la transmisión del virus a través de cuatro rutas principales: la ruta del Pacífico (Américas), la ruta Euroasiática, la ruta del Atlántico Este y la ruta Asia–Australasia (Elaboración con BioRender).

ISSN 2007 - 431 X

*“Las aves acuáticas silvestres constituyen los principales reservorios naturales del virus, y desempeñan un papel central para su diseminación global a través de las rutas migratorias ya que facilitan el intercambio genético entre cepas de distintas regiones.”*

### Mecanismos de transmisión entre aves silvestres y domésticas

La transmisión de los virus de IA entre aves silvestres y domésticas ocurre en la interfaz donde convergen los ecosistemas naturales y los sistemas productivos (Giacinti *et al.* 2024). Los humedales, cuerpos de agua y mercados de aves vivas son los principales escenarios de contacto donde el intercambio viral puede producirse de manera directa o indirecta (Olsen y

Munster 2023). En estos entornos, las excretas de aves silvestres infectadas contaminan el agua, el suelo y el alimento y facilitan la introducción del virus hacia parvadas domésticas.

La vía fecal-oral es el mecanismo primario de transmisión, ya que las partículas virales excretadas por las aves acuáticas pueden permanecer en ambientes húmedos por largos periodos (Olsen y Munster 2023; Shi *et al.* 2023). No obstante, también se ha documentado la transmisión aerógena y mecánica, especialmente en granjas de alta densidad donde el polvo, las plumas y el equipo contaminado actúan como vehículos de dispersión. Estas condiciones se agravan en regiones con sistemas de producción intensiva y bioseguridad deficiente, donde la infección puede propagarse rápidamente entre lotes y granjas cercanas.

En los sistemas de traspatio, o pequeña escala comunes en zonas rurales, las aves domésticas suelen tener libre acceso a espacios abiertos y fuentes de agua, y esto incrementa el riesgo de exposición a aves migratorias. Estos sistemas constituyen un punto crítico para la circulación de cepas de baja patogenicidad que pueden evolucionar hacia variantes más virulentas tras múltiples ciclos de replicación en hospederos domésticos (FAO 2008). La falta de limpieza y el escaso control del movimiento de animales contribuyen a mantener la infección.

Los mercados de aves vivas son otro eslabón importante en la transmisión y evolución del virus, donde la mezcla de aves de varios orígenes y especies genera un entorno favorable para el reagrupamiento genético que puede dar lugar a nuevos subtipos con mayor capacidad de propagación (Lee *et al.* 2017). Estas condiciones convierten a los mercados en focos potenciales de emergencia viral con implicaciones directas para la salud animal y humana.

### Transmisión zoonótica y riesgo

Aunque los virus de la IA están adaptados a las aves, bajo ciertas condiciones pueden infectar a mamíferos, incluidos los seres humanos. Estos eventos, denominados transmisiones zoonóticas, ocurren por exposición directa o prolongada a aves infectadas, sus secreciones y superficies contaminadas (WHO 2024). La mayoría de los casos de zoonosis reportados se asocian con actividades de manejo, sacrificio o venta de aves vivas en mercados, donde las condiciones de hacinamiento y la falta de medidas de bioseguridad facilitan la infección.

En las últimas dos décadas, los subtipos H5N1, H7N9 y H9N2 del virus han sido responsables de la mayoría de los brotes zoonóticos. Desde su aparición en 1997, el virus H5N1 ha causado más de 880 infecciones humanas confirmadas con una letalidad superior al 50%, mientras que H7N9 y H9N2 continúan circulando esporádicamente en Asia (CDC 2023; WHO 2024). Aunque estos virus no se transmiten entre personas, su presencia en aves y la posibilidad de adquirir adaptaciones genéticas que incrementen su afinidad por receptores humanos, representan un riesgo de emergencia pandémica (Lycett *et al.* 2016).

El salto interespecífico depende de factores del virus y del hospedero. Entre los más relevantes se encuentra la afinidad de la hemaglutinina (HA) por los receptores de ácido siálico. Los virus aviares reconocen el enlace  $\alpha 2,3$ , mientras que en humanos predomina el  $\alpha 2,6$ . Mutaciones en regiones críticas de la HA, o la coinfección en especies intermediarias

como los cerdos, pueden alterar esta especificidad facilitando la adaptación viral al nuevo hospedero (Lee *et al.* 2017).

En México, hasta ahora no se han confirmado zoonosis por virus de IA altamente patógena más que en el tropismo ocular y se han registrado brotes en aves domésticas, como los ocasionados por el subtipo H7N3 en 2012 y los episodios de H5N1 en 2022–2023 (Navarro-López *et al.* 2022).

## Factores ecológicos y genéticos que favorecen la propagación

La propagación de los virus de IA responde a una interacción compleja entre factores ecológicos, genéticos y antrópicos que, en conjunto, favorecen su persistencia y capacidad de adaptación (Lee *et al.* 2017; Shi *et al.* 2023). En términos ecológicos, la estructura y movilidad de las poblaciones de aves condicionan las oportunidades de contacto entre linajes virales.

Estas interacciones, y las migraciones estacionales, facilitan el mantenimiento de reservorios naturales y la circulación simultánea de subtipos (Lee *et al.* 2017; Shi *et al.* 2023). El resultado es un escenario de mezcla genética continua donde los factores ecológicos establecen el contexto en que los mecanismos evolutivos del virus pueden operar.

Desde una perspectiva integradora, la variabilidad genética en los virus de IA tipo A no solo refleja procesos moleculares intrínsecos sino también la presión selectiva ejercida por el entorno ecológico. La adaptación a varias especies, la competencia entre cepas y las condiciones ambientales, moldean la composición genética de las poblaciones virales y favorecen su éxito evolutivo (Lycett *et al.* 2016; Petrova y Russell 2018). Los factores antrópicos (como la globalización del comercio avícola, el transporte de animales vivos, los mercados tradicionales y las deficiencias en bioseguridad) amplifican la propagación de los virus (FAO 2008).

---

*“La vía fecal-oral es el mecanismo primario de transmisión, ya que las partículas virales excretadas por las aves acuáticas pueden permanecer en ambientes húmedos por largos períodos.”*

---

## Evolución viral y diseminación global

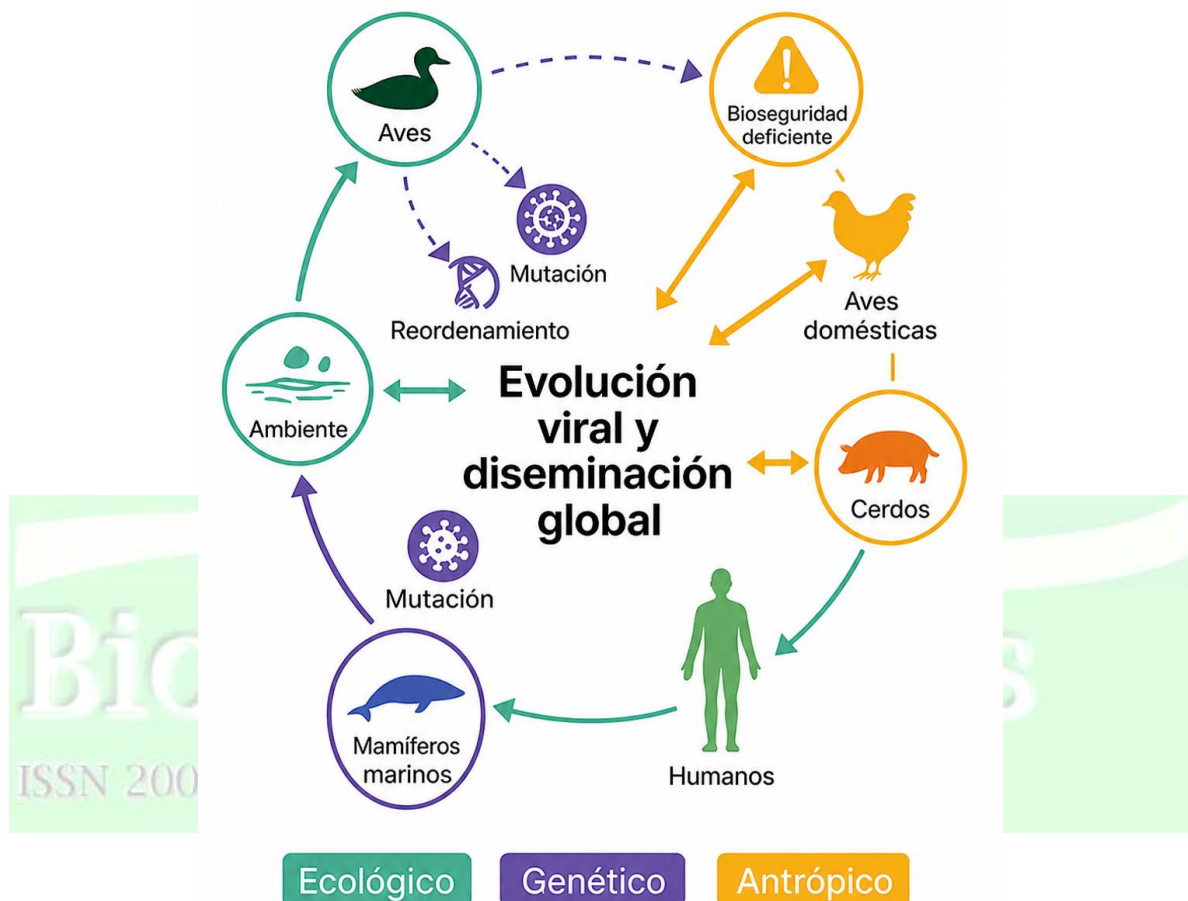


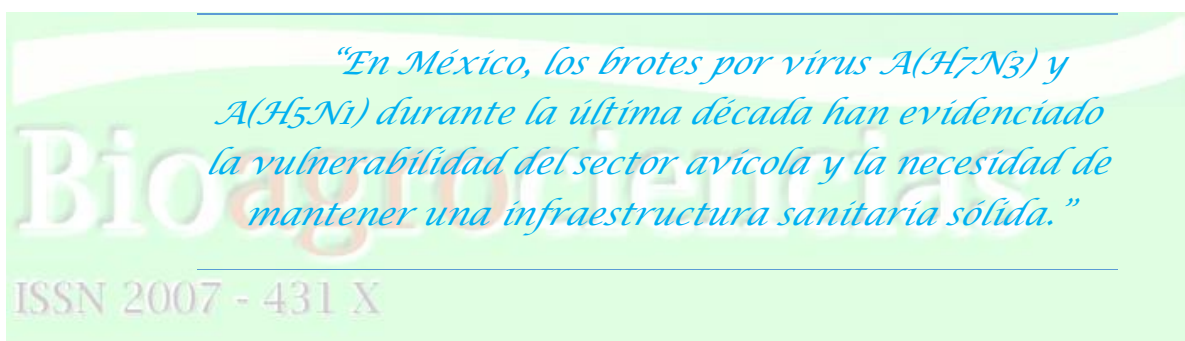
Figura 3. Interacción ecológica, genética y antrópica en la propagación de los virus de IA tipo A. (Elaboración con BioRender).

### Impacto en la salud pública y control sanitario

Los brotes de IA tienen repercusiones significativas tanto en la salud pública como en la economía global (CDC 2023; SENASICA 2023; WHO 2024). La diseminación rápida del virus en aves domésticas genera pérdidas económicas por sacrificio masivo de animales, la restricción al comercio internacional y la disminución de la producción avícola (FAO 2022; Navarro-López *et al.* 2022; SENASICA 2023). A esto se suman los costos de las campañas de vacunación, la compensación a productores y el fortalecimiento de la vigilancia epidemiológica (FAO 2008).

En México, los brotes por virus A(H7N3) y A(H5N1) durante la última década han evidenciado la vulnerabilidad del sector avícola y la necesidad de mantener una infraestructura sanitaria sólida (SENASICA 2023). Desde la salud pública, los virus de IA altamente patógenos representan una amenaza para los trabajadores de la industria avícola, veterinarios y comunidades rurales que conviven con aves infectadas. Aunque las infecciones humanas son poco frecuentes, los casos documentados de H5N1 y H7N9 con alta letalidad subrayan la necesidad de fortalecer la vigilancia zoonótica y la respuesta rápida ante brotes (WHO 2023). El control sanitario se basa en la prevención, contención y erradicación mediante medidas integradas. La bioseguridad en granjas, el aislamiento de aves domésticas respecto a la fauna silvestre, la vigilancia virológica y la vacunación dirigida son pilares esenciales de los programas de control (FAO 2008; Navarro-López *et al.* 2022; SENASICA 2023).

A nivel internacional, la Organización Mundial de Sanidad Animal (WOAH), la Organización Mundial de la Salud (OMS) y la FAO impulsan un enfoque cooperativo para enfrentar la IA, que promueve la colaboración entre los sectores ambiental, veterinario y médico (FAO 2008).



## Conclusiones

La IA debe entenderse no solo como una enfermedad veterinaria sino como un problema global que exige una respuesta interdisciplinaria. El fortalecimiento de la investigación científica, la educación sanitaria y la cooperación internacional son elementos fundamentales para reducir el impacto de los brotes y aumentar la resiliencia frente a futuras emergencias de origen zoonótico.

## Referencias

- Caliendo V, Lewis NS, Pohlmann A, Baillie SR, Banyard AC *et al.* 2022. Transatlantic spread of highly pathogenic avian influenza H5N1 by wild birds from Europe to North America in 2021. *Scientific Reports* 12:11729.
- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). 2023. Human infections with highly pathogenic avian influenza A(H5N1) viruses: Situation update. Fecha de consulta 27/03/2026 en <https://www.cdc.gov/flu/avianflu> .

- Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). 2008. *Biosecurity for highly pathogenic avian influenza: Issues and options*. FAO Animal Production and Health Paper No. 165. FAO. Roma. 90 pp.
- Giacinti JA, Jarvis-Cross M, Lewis H, Provencher JF, Berhane Y *et al.* 2024. Transmission dynamics of highly pathogenic avian influenza virus at the wildlife–poultry–environmental interface: a case study. *One Health* 19:100932.
- Lee DH, Bertran K, Kwon JH y Swayne DE. 2017. Evolution, global spread, and pathogenicity of highly pathogenic avian influenza H5Nx clade 2.3.4.4. *Journal of Veterinary Science* 18(S1):269-280.
- Lycett SJ, Bodewes R, Pohlmann A, Banks J, Bányai K *et al.* 2016. Role for migratory wild birds in the global spread of avian influenza H5N8. *Science* 354(6309):213-217.
- Navarro-López R, Xu W, Gómez-Romero N, Velazquez-Salinas L y Berhane Y. 2022. Phylogenetic inference of the 2022 highly pathogenic H7N3 avian influenza outbreak in northern Mexico. *Pathogens* 11(11):1284.
- Olsen B y Munster VJ. 2023. Wild bird reservoirs of avian influenza A viruses. *Science* 381:142-146.
- Petrova VN y Russell CA. 2018. The evolution of seasonal influenza viruses. *Nature Reviews Microbiology* 16:47-60.
- Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA). 2023. Informe técnico de influenza aviar de alta patogenicidad H5N1 en México, 2022-2023. SENASICA. Ciudad de México.
- The Global Consortium for H5N8 and Related Influenza Viruses. 2016. Role for migratory wild birds in the global spread of avian influenza H5N8. *Science* 354(6309):213-217.
- Webster RG, Bean WJ, Gorman OT, Chambers TM y Kawaoka Y. 1992. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiological Reviews* 56:152-179.
- World Health Organization (WHO). 2024. Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1), A(H7N9), and A(H9N2) reported to WHO, 2003-2024. Fecha de consulta 27/03/2026 <https://www.who.int>.
- World Organisation for Animal Health (WOAH). 2023. Avian influenza. Fecha de consulta 27/03/2026 en <https://www.woah.org/en/disease/avian-influenza/>

Pineda-Aguilar Y, Conde-Ferrández L, Ayora-Talavera G. 2026. Aspectos ecológicos, genéticos y sanitarios de la Influenza Aviar. *Bioagrobiencias* 19 (1): 143-150.  
DOI: <https://doi.org/10.56369/BAC.6803>