

Iván Sanz-Muñoz<sup>1,2,3</sup>   
José M Eiros<sup>1,4,5,6</sup>   
Marta Hernández<sup>1,4</sup> 

# Importancia de los Centros Nacionales de Gripe en la vigilancia de virus aviáres de alta patogenicidad. El momento para *One-Health* es ahora

<sup>1</sup>Centro Nacional de Gripe, Valladolid, España

<sup>2</sup>Instituto de Estudios de Ciencias de la Salud de Castilla y León, ICSCYL, Soria, España

<sup>3</sup>Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Infecciosas (CIBERINFEC), Madrid, España

<sup>4</sup>Área de Microbiología, Universidad de Valladolid, Valladolid, España

<sup>5</sup>Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Río Hortega, Valladolid, España

<sup>6</sup>Servicio de Microbiología, Hospital Clínico Universitario de Valladolid, Valladolid, España

## Article history

Received: 17 November 2023; Revision Requested: 10 December 2023; Revision Received: 11 December 2023;  
Accepted: 19 December 2023; Published: 11 January 2024

## RESUMEN

Desde el año 1996 el subtipo de gripe aviar de alta patogenicidad A(H5N1) ha estado casi de forma ininterrumpida causando brotes en aves salvajes y domésticas, además de casos en seres humanos con una mortalidad cercana al 50%. Sin embargo, los años de mayor circulación han sido precisamente los años posteriores a la pandemia de COVID-19, en los que se han registrado diversos casos en humanos en lugares donde nunca antes habían aparecido, además de múltiples casos en mamíferos salvajes, domésticos y peri domésticos, que entrañan cierta preocupación por el riesgo que puede suponer para el salto del virus al ser humano través de cadenas de transmisión de mayor o menor extensión. El brote actual de A(H5N1) nos muestra que el concepto *One-Health* debe estar más vivo que nunca para aunar esfuerzos entre profesionales de diferentes sectores de la sanidad humana, animal y medio ambiental para evitar o minimizar estos riesgos, de tal forma que los laboratorios de referencia como los Centros Nacionales de Gripe dispongan de los medios humanos y materiales para ofrecer información rápida y relevante en el menor tiempo posible antes emergencias de este tipo. Las herramientas de diagnóstico y seguimiento que se deben utilizar en estos casos deben estar disponibles para cualquier eventualidad, y llegar más allá de los datos básicos debe ser una premisa indispensable para poder hacer un seguimiento pormenorizado que sirva para acotar brotes, limitar la difusión de la enfermedad, y ayudar al diseño de futuras vacunas pandémicas frente a virus aviáres.

**Palabras clave:** Gripe aviar; pandemia; barrera de especie; brotes; vigilancia;

## Importance of National Influenza Centers in the surveillance of highly pathogenic avian viruses. The time for *One-Health* is now

## ABSTRACT

Since 1996, the highly pathogenic avian influenza subtype A(H5N1) has been causing almost uninterrupted outbreaks in wild and domestic birds, as well as cases in humans with a mortality rate close to 50%. However, the years of greatest circulation have been precisely the years following the COVID-19 pandemic, in which several cases have been recorded in humans in places where they had never appeared before, in addition to multiple cases in wild, domestic and peri-domestic mammals, which raise some concern about the risk that the virus may jump to humans through chains of transmission of greater or lesser extent. The current outbreak of A(H5N1) shows us that the *One-Health* concept should be more alive than ever to join efforts between professionals from different sectors of human, animal and environmental health to avoid or minimize these risks, so that reference laboratories such as the National Influenza Centers have the human and material resources to provide rapid and relevant information in the shortest possible time before emergencies of this type. The diagnostic and monitoring tools to be used in these cases must be available for any eventuality, and going beyond the basic data must be an indispensable premise to be able to carry out a detailed monitoring that serves to limit outbreaks, limit the spread of the disease, and help in the design of future pandemic vaccines against avian viruses.

**Key words:** Avian influenza; pandemic; species barrier; outbreak; surveillance;

Correspondencia:  
Dr. Iván Sanz-Muñoz  
National Influenza Centre, Valladolid, Spain  
Calle Rondilla de Santa Teresa s/n, Edificio Rondilla, Hospital Clínico Universitario de Valladolid, Valladolid, Spain  
E-mail: [isanzm@saludcastillayleon.es](mailto:isanzm@saludcastillayleon.es)

La pandemia de COVID-19 nos ha enseñado que la vigilancia virológica y epidemiológica es esencial para limitar las consecuencias de la aparición de nuevos microorganismos que supongan una amenaza para la especie humana. Sin una densa red de laboratorios de referencia hubiera sido imposible detectar tan rápidamente los primeros casos de COVID-19 que surgieron en el mercado de Huanan en la ciudad China de Wuhan [1], ni realizar la secuenciación del SARS-CoV-2 en un tiempo récord, lo que permitió diseñar las primeras vacunas de ARNm y comenzar a administrarlas en el plazo de menos de un año [2].

Sin embargo, en esta ecuación falta un elemento clave y que en el último año ha ganado fuerza. Es el concepto de “Una sola salud” o “One Health” [3], que aúna los esfuerzos tanto de la sanidad humana, como animal y medioambiental, bajo un mismo paraguas que integra distintos profesionales, como médicos, biólogos y veterinarios, entre otros. Gracias a este tipo de colaboraciones multidisciplinares, tanto el SARS-CoV-2 como otros virus con potencial pandémico están siendo vigilados desde su origen, y el conocimiento de la relación del ser humano con la naturaleza permite descubrir los pormenores del salto de barrera de especie y darnos pistas sobre como paliarlo.

En el año 2023, la amenaza ya no fue tanto la COVID-19, que siguió suponiendo un desafío de Salud Pública, pero afortunadamente ya no de tanta índole gracias a las vacunas, la mejora del tratamiento de los enfermos y la reducción en la virulencia del virus [4]; sino que el problema se trasladó a un viejo sospechoso, el virus gripal del subtipo A(H5N1) de origen aviar cuya amenaza comenzó en el año 1996 y que entre este año y el 2023 ha causado casos tanto en aves salvajes como

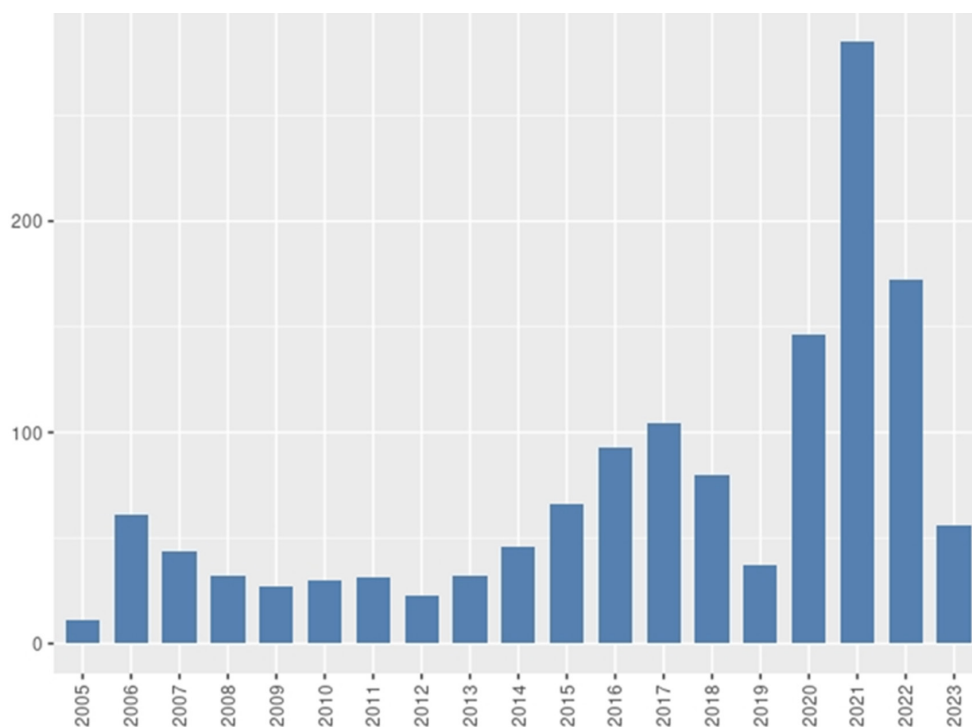
domésticas, diferentes especies de mamíferos y en torno a 850 casos en humanos con una mortalidad cercana al 50% (Tabla 1) [5–7]. Dicha primera cepa fue denominada como A/goose/Guangdong/1/1996 y fue una de muchas que se detectaron tanto en animales como en seres humanos hasta el año 2023. De hecho, el primer caso de gripe aviar en humanos fue detectado en Hong Kong en el año 1997 tras un brote de aves de corral. El número de brotes de gripe aviar en animales desde el año 2005 no ha hecho más que incrementarse, siendo los años 2020, 2021 y 2022 los peores que se han registrado hasta la fecha (Figura 1).

El subtipo A(H5N1) no ha dejado de amenazar a nuestra especie desde entonces, pero los años 2021 a 2023 fueron especialmente relevantes dado que el virus saltó a zonas del mundo en las que nunca se habían detectado casos, como por ejemplo la región sudamericana [8,9]. De hecho, han aparecido múltiples casos tanto en mamíferos domésticos como peri domésticos y salvajes, como los observados en focas comunes en Estados Unidos de América, visones americanos en granjas peleteras en Galicia [10], granjas peleteras de zorros en Finlandia [11], gatos domésticos en Polonia [12], o la elevadísima mortalidad de leones marinos en Chile y Perú [13,14]. En algunos de estos casos en mamíferos se detectaron algunas mutaciones de adaptación a estos animales como la D701N y la E627K en la proteína PB2 [15,16], que permite una mejor replicación del virus a la temperatura fisiológica de los mamíferos. Durante este brote, se han documentado un total de 6 casos en seres humanos hasta diciembre de 2022 causados por el subclado 2.3.4.4b del subtipo A(H5N1) en Reino Unido, Estados Unidos de América, España y China, y posteriormente en el año 2023

Tabla 1

Número de casos y muertes detectadas en humanos del subtipo de gripe aviar (H5N1) en el mundo desde 2003 hasta noviembre de 2022. Modificado de [5].

País	2003-2009		2010-2014		2015-2019		2020		2021		2022		Total	
	Casos	Muertes	Casos	Muertes	Casos	Muertes	Casos	Muertes	Casos	Muertes	Casos	Muertes	Casos	Muertes
Azerbaiyán	8	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	5
Bangladés	1	0	6	1	1	0	0	0	0	0	0	0	8	1
Camboya	9	7	47	30	0	0	0	0	0	0	0	0	56	37
Canadá	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
China	38	25	9	5	6	1	0	0	0	0	1	1	54	32
Yibuti	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Egipto	90	27	120	50	149	43	0	0	0	0	0	0	359	120
India	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1
Indonesia	162	134	35	31	3	3	0	0	0	0	0	0	200	168
Irak	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	2
Laos	2	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	3	2
Mianmar	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Nepal	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1
Nigeria	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Pakistán	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1
España	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2	0
Tailandia	25	17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	25	17
Turquía	12	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	4
Reino Unido	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
Estados Unidos de América	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Vietnam	112	57	15	7	0	0	0	0	0	0	0	0	127	64
Total	468	282	233	125	160	48	1	0	2	1	4	1	868	457



**Figura 1** Número de brotes de gripe aviar en animales desde el año 2005. Modificado de [26].

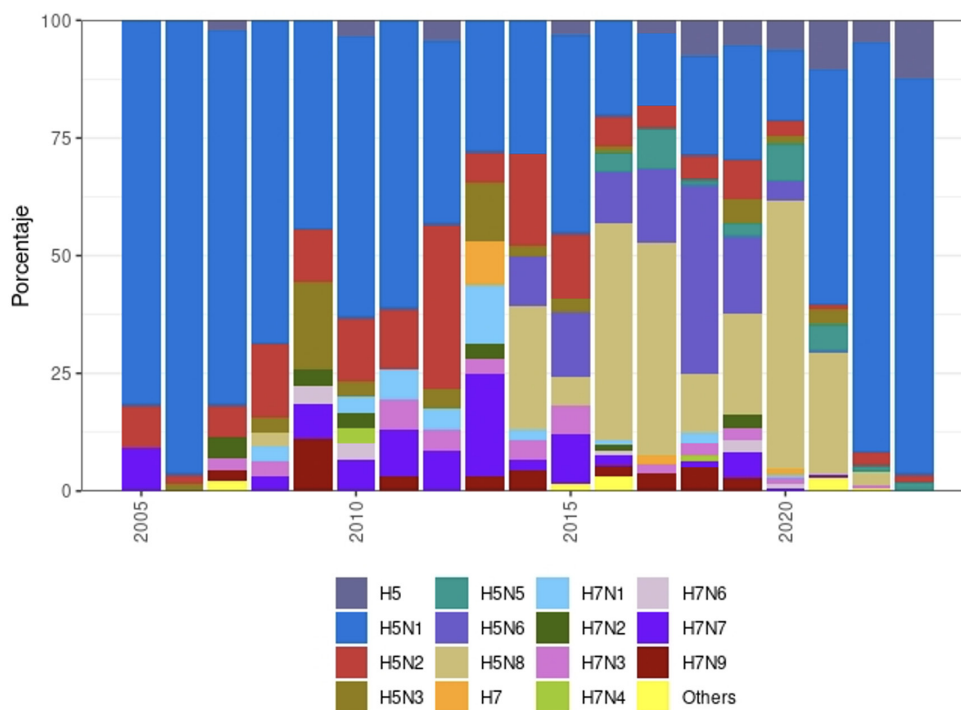
un total de 6 casos humanos en Camboya, China, Ecuador y Vietnam, dos de ellos con desenlace fatal.

Desde el año 2021 se han observado cepas del subtipo A(H5N1) altamente patogénicas (HPAI, *High Pathogenic Avian Influenza*) que han evolucionado por su reorganización genética con otras cepas de baja patogenicidad (LPAI, *Low Pathogenic Avian Influenza*) procedentes de aves silvestres y de corral africanas y europeas [17]. Entre 2020 y 2022, Europa, América y África se han convertido en el epicentro de la gripe aviar, y las aves salvajes han tenido un papel fundamental en la expansión de este subtipo. Un estudio publicado durante 2023 [9] revela importantes alteraciones en la ecología y evolución de los virus H5 HPAI, incluido un cambio en su distribución mundial, que se ha extendido más allá de Asia. Por tanto, urge desarrollar medidas de control sistemático de las aves domésticas y salvajes para limitar la propagación viral y controlar la prevalencia de la gripe aviar HPAI en las poblaciones mundiales de aves, así como seguir investigando la evolución viral para mitigar y reaccionar ante nuevas cepas que se podrían convertir potencialmente en una próxima pandemia.

Pero toda esta vigilancia debe ir de alguna forma coordinada. De lo contrario, no sería suficiente para evitar la propagación de virus aviáres HPAI a la población humana. Y de ahí precisamente viene la necesidad de integrar de manera rotunda y sin dilación el concepto *One-Health* en la vigilancia y prevención de enfermedades zoonóticas con riesgo de trans-

misión a nuestra especie. Sobre todo, si se utilizan herramientas y sistemas ya existentes que pueden mejorarse para que funcionen de forma óptima hacia este fin, sin dejar de lado el objetivo que tenían previamente designado [18]. Hablamos de la red mundial de vigilancia de la gripe de la Organización Mundial de la Salud (*Global Influenza Surveillance and Response System*, GISRS) que, a través de sus más de 150 Centros Nacionales de gripe (CNGs) y sus 6 Centros Colaboradores (WHO CCs), vigilan anualmente las infecciones gripales humanas durante las epidemias estacionales [19–21]. Este sistema, que es uno de los más antiguos del mundo, está muy centrado en la vigilancia virológica y epidemiológica de la gripe humana con un objetivo claro, adaptar las vacunas antigripales de cada temporada [22], además de aportar datos de carga de enfermedad y de características virológicas de los virus gripales circulantes. Sin embargo, dentro de esta red existen un total de 13 laboratorios nacionales referencia para H5 que vigilan activamente este tipo de infecciones [23].

En el caso de España existen actualmente tres CNGs (Valladolid, Madrid y Barcelona) que trabajan coordinadamente junto con el Ministerio de Sanidad y las comunidades autónomas para vigilar la gripe humana. Algunos de estos CNGs, como el de Valladolid, está llevando a cabo sinergias con la rama veterinaria para ampliar la vigilancia a nivel zoonótico y disponer de herramientas que mitiguen la interfaz entre el ser humano y los animales y el medio ambiente. Durante los brotes de los años 2021–2023, el CNG de Valladolid, por ejemplo,



**Figura 2** | Porcentaje de genotipos de gripe aviar identificados a nivel mundial desde el año 2005. Modificado de [26].

realizó análisis molecular específico frente al subtipo A(H5N1) en los trabajadores y veterinarios en contacto con los casos de dos brotes de H5 HPAI en una granja de ocas de la localidad vallisoletana de La Cisterniga en diciembre de 2022 [24] y en una granja de pavos de la localidad segoviana de Fuenterebollo [25]. En ambos casos se utilizaron reactivos específicos frente a A(H5N1) y controles positivos suministrado por el CDC, no detectándose el virus en ninguna de las muestras. Ninguna de las personas analizadas mostró ningún tipo de síntoma, y los resultados además fueron confirmados como negativos por el Instituto de Salud Carlos III, lo que demuestra la robustez de la metodología y la operatividad de este tipo de centros en el caso de que sucedan brotes en seres humanos.

Sin embargo, esto es solo un ejemplo de lo que los CNGs y otros laboratorios de referencia deben hacer para mitigar los brotes de gripe aviar HPAI que puedan suceder. El análisis de laboratorio es solo una parte, aunque indispensable, de este análisis. El muestreo de aves muertas realizado por los veterinarios es esencial para detectar rápidamente los brotes, tanto en aves salvajes como estabuladas, y debe ir rápidamente coordinado con el muestreo de las personas implicadas y relacionadas con estos brotes. A través de esta visión *One-Health* de estas situaciones puede obtenerse un resultado muy rápido, de tal forma que permita tomar decisiones de Salud Pública relevantes para evitar una posible propagación a partir de un caso índice.

El siguiente paso una vez mitigado este estadio inicial es,

sin duda, proseguir con la obtención de información sobre la muestra. Para ello, es necesario disponer de herramientas de última generación como la secuenciación masiva o NGS, que permita genotipar el virus y analizar su procedencia y la posible aparición de mutaciones de relevancia que alteren sus características virológicas. Precisamente, este tipo de herramientas han permitido describir con concreción las variantes víricas de A(H5N1) HPAI presentes durante los últimos años hasta la actualidad (y de otros subtipos de gripe aviar, como H7), y son muy útiles para seleccionar aquellas cepas más representativas para incluirlas en las vacunas pandémicas que se pongan a punto en los siguientes años (Figura 2).

Desde principios del año 2023, el Centro Nacional de la Gripe de Valladolid ha incluido la secuenciación NGS de virus gripales para ampliar la cantidad y la calidad de la información y el nivel de detalle de las muestras procesadas con respecto a otros métodos que se utilizaban con anterioridad, como el método Sanger. De esta forma, se completan a nivel metodológico los sistemas de vigilancia tanto de virus de gripe humana como aviáres, de tal forma que se disponga de forma autónoma de la mayor cantidad posible de información para que esta pueda ser útil en tiempo y forma a las necesidades de manejo de un brote humano de estas características.

En definitiva, la visión *One-Health* de los laboratorios de referencia debe ir ligada a diversos grupos de profesionales que trabajen en diferentes ámbitos, de tal forma que complementen su conocimiento y experiencia para evitar la propaga-

ción de virus de alta patogenicidad como el subtipo A(H5N1). La preparación de los laboratorios de referencia es esencial para llevar a cabo esta vigilancia, pero no es menos importante que las piezas del resto de componentes estén bien engrasadas para que la cadena de información, muestras y procedimientos funcione de forma correcta una vez exista una alerta sanitaria de este tipo.

## FINANCIACIÓN

Los autores declaran que no han recibido financiación para la realización de este estudio

## CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no presentan conflicto de intereses.

## BIBLIOGRAFÍA

1. Worobey M, Levy JI, Malpica Serrano L, Crits-Christoph A, Pekar JE, Goldstein SA, et al. The Huanan Seafood Wholesale Market in Wuhan was the early epicenter of the COVID-19 pandemic. *Science*. 2022;377(6609):951-9. doi: 10.1126/science.abp87.
2. Kim D, Lee JY, Yang JS, Kim JW, Kim VN, Chang H. The Architecture of SARS-CoV-2 Transcriptome. *Cell*. 2020;181(4):914-921.e10. doi: 10.1016/j.cell.2020.04.011.
3. Ohia CMD, Uwalaka EC. COVID 19: A call to One Health Action. *Ann Ib Postgrad Med*. 2021;19(Suppl 1):S31-7.
4. Jackson CB, Farzan M, Chen B, Choe H. Mechanisms of SARS-CoV-2 entry into cells. *Nat Rev Mol Cell Biol*. 2022;23(1):3-20. doi: 10.1038/s41580-021-00418-x.
5. WHO. Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003-2022. 11 November 2022 [accessed 16th November 2023]. Available at: [https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a\(h5n1\)-reported-to-who-2003-2022-11-nov-2022](https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a(h5n1)-reported-to-who-2003-2022-11-nov-2022)
6. OMS. Avian Influenza Weekly Update Number 919. 2023 [accessed 8th November 2023]. Available at: [https://cdn.who.int/media/docs/default-source/wpro---documents/emergency/surveillance/avian-influenza/ai\\_20231027.pdf?sfvrsn=22ea0816\\_35#:~:text=Globally%2C%20from%20January%202003%20to,of%2052%25\)%%20\(Source\).](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/wpro---documents/emergency/surveillance/avian-influenza/ai_20231027.pdf?sfvrsn=22ea0816_35#:~:text=Globally%2C%20from%20January%202003%20to,of%2052%25)%%20(Source).)
7. CDC. Emergence and Evolution of H5N1 Bird Flu. 2023 [accessed 20th September 2023]. Available at: [https://www.cdc.gov/flu/avianflu/communication-resources/bird-flu-origin-infographic.html#:~:text=In%201996%2C%20highly%20pathogenic%20avian,6%20deaths\)%20in%20Hong%20Kong.](https://www.cdc.gov/flu/avianflu/communication-resources/bird-flu-origin-infographic.html#:~:text=In%201996%2C%20highly%20pathogenic%20avian,6%20deaths)%20in%20Hong%20Kong.)
8. FAO. Global Avian Influenza Viruses with Zoonotic Potential situation update. 2023 [accessed 16th November 2023]. Available at: <https://www.fao.org/animal-health/situation-updates/global-aiv-with-zoonotic-potential/en>
9. Xie R, Edwards KM, Wille M, Wei X, Wong SS, Zanin M, et al. The episodic resurgence of highly pathogenic avian influenza H5 virus. *bioRxiv*; 2022 [accessed 20th September 2023]. p. 2022.12.18.520670. Available at: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.12.18.520670v1>
10. Agüero M, Monne I, Sánchez A, Zecchin B, Fusaro A, Ruano MJ, et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection in farmed minks, Spain, October 2022. *Eurosurveillance*. 2023;28(3):2300001. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2023.28.3.2300001.
11. Lindh E, Lounela H, Ikonen N, Kantala T, Savolainen-Kopra C, Kauppinen A, et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection on multiple fur farms in the South and Central Ostrobothnia regions of Finland, July 2023. *Euro Surveill*. 2023;28(31):2300400. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300400.
12. Rabalski L, Milewska A, Pohlmann A, Gackowska K, Lepionka T, Szczepaniak K, et al. Emergence and potential transmission route of avian influenza A (H5N1) virus in domestic cats in Poland, June 2023. *Eurosurveillance*. 2023;28(31):2300390. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300390.
13. Gamarra-Toledo V, Plaza PI, Gutiérrez R, Inga-Díaz G, Saravia-Guevara P, Pereyra-Meza O, et al. Mass Mortality of Sea Lions Caused by Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus. *Emerg Infect Dis*. 2023;29(12). doi: 10.3201/eid2912.230192.
14. Leguia M, García-Glaessner A, Muñoz-Saavedra B, Juárez D, Barrera P, Calvo-Mac C, et al. Highly pathogenic avian influenza A (H5N1) in marine mammals and seabirds in Peru. *Nat Commun*. 2023;14(1):5489. doi: 10.1038/s41467-023-41182-0
15. Pardo-Roa C, Nelson MI, Ariyama N, Aguayo C, Almonacid LI, Muñoz G, et al. Cross-species transmission and PB2 mammalian adaptations of highly pathogenic avian influenza A/H5N1 viruses in Chile. *bioRxiv*; 2023 [citado 22 de agosto de 2023]. p. 2023.06.30.547205. Disponible en: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.06.30.547205v1>
16. GOV.UK. Confirmed findings of influenza of avian origin in non-avian wildlife [Internet]. 2023 [accessed 14th November 2023]. Available at: <https://www.gov.uk/government/publications/bird-flu-avian-influenza-findings-in-non-avian-wildlife/confirmed-findings-of-influenza-of-avian-origin-in-non-avian-wildlife>
17. ECDC. Avian influenza overview June – September 2022 [accessed 16th November 2023]. Available at: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/avian-influenza-overview-September-2022.pdf>
18. Sanz-Muñoz I, Ortiz-de-Lejarazu-Leonardo R, Eiros-Bouza JM. Global influenza surveillance in times of COVID-19: Robbing Peter to pay Paul?. *Rev Clin Esp*. 2021;221(6):372-4. doi: 10.1016/j.rceng.2020.12.003
19. Hay AJ, McCauley JW. The WHO global influenza surveillance and response system (GISRS)-A future perspective. *Influenza Other Respir Viruses*. 2018;12(5):551-7. doi: 10.1111/irv.12565.
20. OMS. Operational guidance for sharing seasonal influenza viruses with WHO Collaborating Centres (CCs) under the Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS) 2017 [accessed 13th

November 2023]. Available at: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/259400>

21. WHO. Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS). 2022 [accessed 7th November 2023]. Available at: <https://www.who.int/initiatives/global-influenza-surveillance-and-response-system>
22. WHO. TOR for NICs. 2017 [accessed 21th November 2023]. Available at: [http://www.who.int/influenza/gisrs\\_laboratory/national\\_influenza\\_centres/terms\\_of\\_reference\\_for\\_national\\_influenza\\_centres.pdf](http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/national_influenza_centres/terms_of_reference_for_national_influenza_centres.pdf)
23. WHO. WHO H5 Reference Laboratories and the Terms of Reference (TOR). 2023 [accessed 14th November 2023]. Available at: <https://www.who.int/initiatives/global-influenza-surveillance-and-response-system/h5-reference-laboratories>
24. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. Se detecta un foco de influenza aviar de alta patogenicidad (IAAP) H5N1 en una granja de ocas en Valladolid. 2022 [accessed 16th November 2023]. Available at: [https://www.mapa.gob.es/es/ganaderia/temas/sanidad-animal-higiene-ganadera/iaapvalladolid20122022\\_tcm30-639969.pdf](https://www.mapa.gob.es/es/ganaderia/temas/sanidad-animal-higiene-ganadera/iaapvalladolid20122022_tcm30-639969.pdf)
25. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. Actualización situación de influenza aviar de alta patogenicidad (IAAP) H5N1 en España. 2022 [accessed 16th November 2023]. Available at: [https://www.mapa.gob.es/es/ganaderia/temas/sanidad-animal-higiene-ganadera/iaapactualizacionfocoshuelvaysevilla14\\_02\\_2022\\_tcm30-585927.pdf](https://www.mapa.gob.es/es/ganaderia/temas/sanidad-animal-higiene-ganadera/iaapactualizacionfocoshuelvaysevilla14_02_2022_tcm30-585927.pdf)
26. WAHIS. Animal diseases events. 2023 [accessed 17th November 2023]. Disponible en: <https://wahis.woah.org/#/event-management>