

¿GRIPE EN ANIMALES? INFLUENZA A(H5N1) EN MAMÍFEROS

Román Espinal-Palomino, César R. Rodríguez-Luna y Carlos N. Ibarra Cerdeña*

Departamento de Ecología Humana, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (Cinvestav) Unidad Mérida. Mérida, Yucatán, México.

roman.espinal@cinvestav.mx (RE-P), cesar.rodriguez@cinvestav.mx (CRR-L),

cibarra@cinvestav.mx (CNI-C)

*Autor de correspondencia

La influenza A(H5N1) es un virus zoonótico altamente patógeno que afecta aves y mamíferos a nivel global. Este artículo revisa su impacto reciente en la fauna silvestre, así como sus implicaciones en la conservación de los mamíferos y sobre los potenciales riesgos emergentes para la salud pública.

A lo largo de la historia, las pandemias han tenido un profundo impacto en las sociedades humanas. Enfermedades como la peste bubónica, el cólera o, más recientemente, el VIH, no solo provocaron millones de muertes, sino que también transformaron prácticas cotidianas relacionadas con la higiene, la prevención y el cuidado de la salud. Un rasgo común en muchos de estos eventos es su origen zoonótico: patógenos que circulan en animales y que, bajo ciertas condiciones, logran infectar a las personas. Entre los virus zoonóticos con mayor relevancia histórica se encuentra la influenza o gripe, responsable de algunas de las pandemias más graves registradas.

El virus de la influenza A(H5N1), perteneciente a la familia Orthomyxoviridae, destaca por su alta patogenicidad y su capacidad para infectar fauna silvestre, animales domésticos y humanos. Pandemias históricas como la influenza española de 1918-1919, así como brotes más recientes —por ejemplo, la influenza porcina de 2009— evidencian el enorme impacto sanitario que estos virus pueden tener. En la actualidad, el mundo enfrenta una panzootia de influenza A (H5N1) que afecta a múltiples especies animales y plantea interrogantes clave sobre los riesgos que este virus representa para los mamíferos y, eventualmente, para la salud humana. Comprender estos procesos resulta fundamental para anticipar escenarios futuros y fortalecer las estrategias de vigilancia y prevención.

Los virus de la influenza son virus de ARN, lo que significa que su material genético está compuesto por ácido ribonucleico y no por ADN. Debido a que los virus de ARN presentan una tasa de mutación más alta que los virus de ADN, tienden a acumular mayor variabilidad genética, lo que incrementa la probabilidad de que surjan variantes más patogénicas. Se encuentran entre los primeros virus descritos por la ciencia y han sido reconocidos desde hace siglos como patógenos de gran relevancia. A lo largo de la historia, han causado numerosas epidemias —brotes que se propagan rápidamente dentro de regiones específicas— y pandemias, cuando la transmisión se extiende a más de un continente y se establece a nivel local en distintas poblaciones.

Estos virus son numerosos y se clasifican en cuatro grupos: A, B, C y D. Desde el punto de vista de la salud pública,

los más relevantes son los virus de influenza A y B, responsables de enfermedades respiratorias en humanos que pueden llegar a ser graves o incluso letales. Sus síntomas más comunes incluyen fiebre, cefalea y dolores musculares. Los virus del grupo A han estado implicados en varias pandemias de gran magnitud, asociadas con elevadas tasas de mortalidad en humanos y animales a nivel mundial.

Entre los ejemplos más conocidos se encuentran la influenza A(H1N1), causante de la pandemia de 1918 (“fiebre española”), la llamada “gripe rusa” de 1977 y la pandemia de influenza porcina iniciada en México en 2009. Otras variantes también han provocado pandemias, como la influenza asiática (H2N2) en 1889 y la gripe de Hong Kong (H3N2) en 1968. En la mayoría de los casos, el origen de estas pandemias se ha asociado al contagio por contacto directo o indirecto con animales domésticos de granja, como aves y cerdos, así como a la transmisión entre humanos una vez que el virus logra adaptarse.

Recientemente, en el 2020, surgió una nueva variante conocida como Influenza A de alta patogenicidad A(H5N1). Este virus ha generado importantes pérdidas económicas, ya que tiene la capacidad de afectar de manera importante tanto a fauna doméstica (ganado, aves de corral y animales de compañía), como a la fauna silvestre, incluyendo aves y mamíferos. Además, este virus puede ser transmitido de los animales e infectar a los humanos. Por ello, la aparición de nuevos brotes de este virus reviste gran relevancia en los ámbitos económico y de salud pública.

Pero ¿cómo afecta A(H5N1) a los mamíferos? Se han descrito diferentes afectaciones, que varían según la especie. En términos generales, se observan daños neurológicos (por ejemplo, convulsiones, parálisis, o temblores), dificultades respiratorias y secreciones. La evidencia sugiere que el virus A(H5N1) presenta neurotropismo (capacidad de infectar el tejido nervioso), lo que puede derivar en la muerte del organismo. Además, es importante considerar que algunas especies pueden no presentar signos clínicos, pero aun así ser portadores de A(H5N1), como se ha reportado en cerdos o gatos domésticos. Mientras que la mayoría de los casos de infección de A(H5N1) se han registrado en gallinas, patos, gansos y en aves silvestres migratorias, en los últimos años se ha observado que también mamíferos silvestres son susceptibles a la infección por este virus.

Se considera que la coexistencia y el hacinamiento, así como la ingesta de animales enfermos o muertos por el virus, pueden ser las principales vías de infección en mamíferos. Esto ha provocado que en el sector económico también se observen afectaciones, como su aparición en granjas de producción ganadera. Se han registrado importantes eventos en animales de granjas de peletería, como lo ocurrido en España y Finlandia en

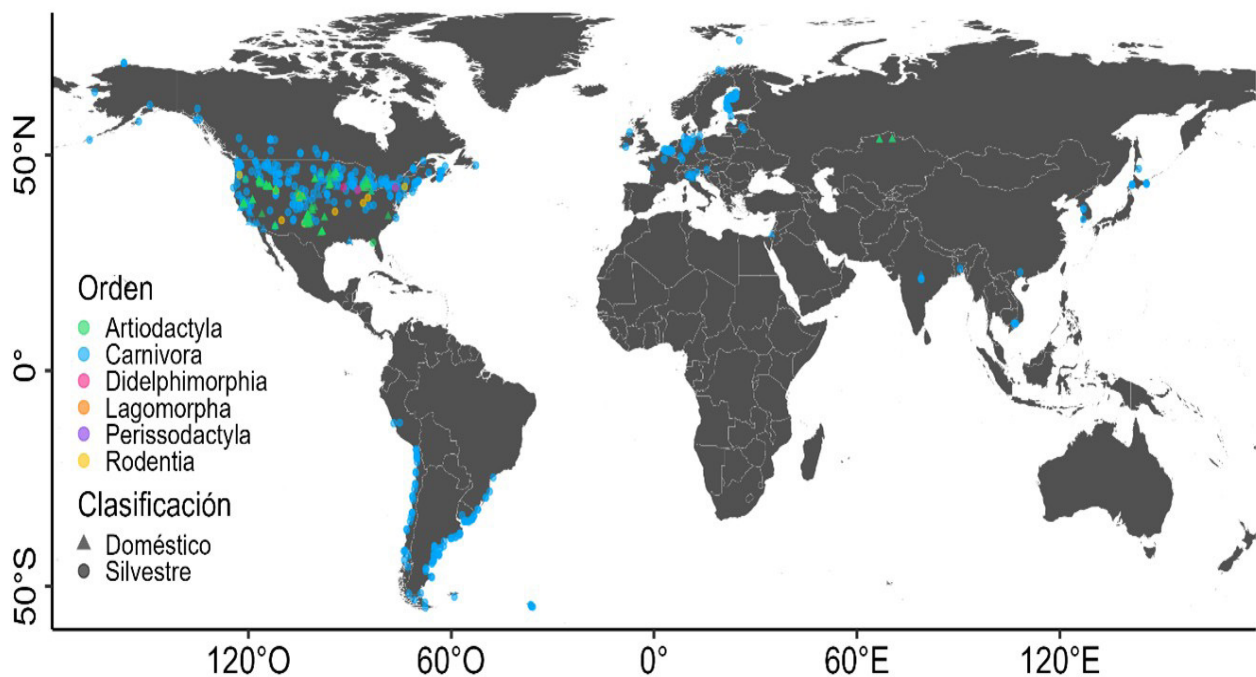
octubre del 2022 – 2023 en granjas de visón (*Mustela lutreola*) respectivamente. Posteriormente, en 2023, se detectaron brotes en zorros árticos (*Vulpes lagopus*) y perros mapache (*Nyctereutes procyonoides*). En estos casos, la transmisión del patógeno se atribuye al uso compartido de equipo, ropa o alimento contaminado, así como a sus prácticas de manejo.

Por otro lado, también se han reportado eventos importantes relacionados con mamíferos marinos. En el 2023, se registró la muerte de al menos 24,000 leones marinos (*Otaria flavescens*) en las costas de Argentina, Brasil, Chile, Perú y Uruguay. Los resultados de las investigaciones sugieren que la infección se debe a una posible transmisión provocada por la coexistencia con aves silvestres infectadas.

El caso del virus A(H5N1) adquiere relevancia en salud pública debido a la existencia de contagios en humanos por contacto directo con la fauna silvestre infectada. Los casos registrados se han presentado principalmente en personas que regularmente tienen contacto con ganado o en áreas costeras donde coexisten mamíferos y aves marinas infectadas, como se ha demostrado en Sudamérica. Por ello, adquiere gran importancia el monitoreo y vigilancia sobre la aparición de nuevos brotes alrededor del mundo. Una de las plataformas de monitoreo constante es la base de datos del Sistema Mundial de Información Zoonosaria (WAHIS, por sus siglas en inglés) de la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA; <https://wahis.woah.org/>), que mantiene información actualizada sobre los brotes de este y otros virus. En este acervo, se concentra la información de enfermedades de declaración obligatoria a nivel mundial.

4 de noviembre del 2025), se tiene el registro de 57 especies de mamíferos que han sido reportados como infectados por el virus A(H5N1) en todo el mundo. De acuerdo con estos datos, se ha reportado la presencia del virus en mamíferos de seis órdenes: Carnivora, Artiodactyla, Rodentia, Perissodactyla, Lagomorpha y Didelphimorphia. Dentro de estos grupos, se encuentran 19 familias, tanto de especies domésticas como silvestres, entre las cuales el 17.5 % presentan alguna categoría de riesgo de acuerdo con la lista roja de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN; <https://www.iucnredlist.org/es>). Se han registrado 37 especies en “Preocupación menor” (PM); cinco especies “Vulnerables” (VU), como el oso marino ártico (*Callorhinus ursinus*), la morsa (*Odobenus rosmarus*), el oso polar (*Ursus maritimus*), el león (*Panthera leo*) y el leopardo (*Panthera pardus*); una especie “Casi amenazada” (CA), la nutria europea de río (*Lutra lutra*); y cuatro “En peligro de extinción” (PE): el tigre (*Panthera tigris*), la nutria de agua dulce (*Lontra provocax*), y dos especies de nutrias marinas (*Lontra felina* y *Enhydra lutris*). Considerando todos los reportes expuestos en la base de datos de WAHIS, el orden con el mayor número de registros es Artiodactyla ($n = 1,022$), para el que se han registrado casos en cuatro familias: Bovidae (vaca, *Bos taurus*), Camelidae (alpaca, *Vicugna pacos*), Suidae (*Sus scrofa*) y Delphinidae (*Tursiops truncatus*).

En el caso del orden Carnivora ($n = 651$), se han registrado casos para especies de 9 familias. Las especies con mayor número de registros fueron los cánidos, como el zorro rojo (*Vulpes vulpes*) y el zorro ártico (*Vulpes lagopus*), y félidos:

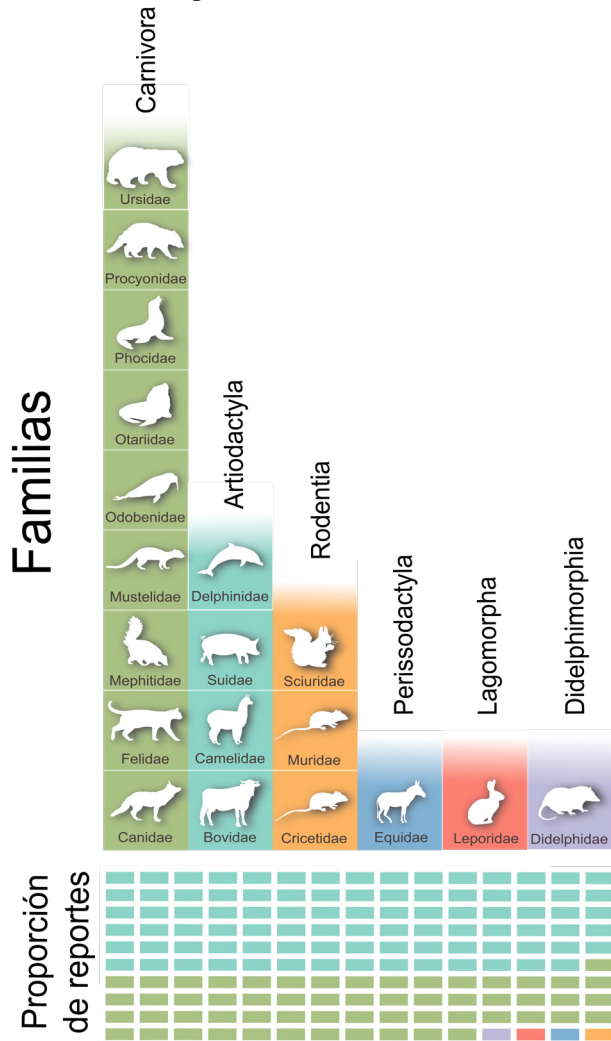


Mamíferos infectados por influenza A(H5N1) alrededor del mundo de acuerdo con los reportes de WAHIS. Cada color indica uno de los seis órdenes de mamíferos en los que se ha confirmado la infección. Los círculos rellenos corresponden a registros de animales silvestres, mientras que los triángulos representan casos de animales domésticos. Imagen: César R. Rodríguez-Luna

Hasta el momento, los reportes de infección en mamíferos se han documentado en tres continentes: América, Europa y Asia. En cambio, los reportes en aves silvestres se han documentado en todos los continentes incluso en la Antártida. De acuerdo con la base de datos de WAHIS (consultada el 4

gatos domésticos (*Felis catus*), puma (*Puma concolor*) y lince rojo (*Lynx rufus*). De la familia Mephitidae, el zorrillo listado (*Mephitis mephitis*) es el que presenta más reportes. Entre los mustélidos destacan el visón americano (*Neovison vison*) y la nutria marina (*Enhydra lutris*). Dentro de la familia Odoenidae se ha reportado

a la morsa (*Odobenus rosmarus*), mientras que en la familia Otariidae se incluyen el lobo marino (*Otaria flavescens*) y el lobo marino de dos pelos (*Arctocephalus australis*). Dentro de la familia Phocidae se ha detectado la infección en la foca común (*Phoca vitulina*) y el elefante marino del sur (*Mirounga leonina*). Mientras que dentro de la familia Procyonidae se ha documentado el mapache (*Procyon lotor*) y dentro de la familia Ursidae a el oso negro americano (*Ursus americanus*).



Diversidad de órdenes y sus respectivas familias reportadas en los que se ha reportado la infección por el virus de influenza A(H5N1) de acuerdo con WAHIS. Imagen: Román Espinal-Palomino.

El tercer orden más representado es Rodentia con familias como Cricetidae (topillos de la pradera, *Microtus ochrogaster* y el ratón ciervo occidental, *Peromyscus sonoriensis*), Muridae (ratón casero, *Mus musculus*) y Sciuridae (ardilla de Aber, *Sciurus aberti* y ardilla de las Carolinas, *Sciurus carolinensis*).

Los órdenes con menor número de reportes son: Didelphimorphia, para la que se ha reportado al tlacuache o zarigüeya (*Didelphis virginiana*); Perissodactyla, para la que solo se ha reportado en la familia Equidae en asnos (*Equus asinus*); y Lagomorpha para la que se ha reportado al conejo del desierto (*Sylvilagus audubonii*) de la familia Leporidae.

El fenómeno de dispersión del virus y la infección de la fauna silvestre y doméstica representa un gran problema

no solo en términos de la conservación de la biodiversidad y de los beneficios de la naturaleza para la humanidad; si no al mismo tiempo por la relevancia dentro del panorama de la salud pública como una enfermedad zoonótica de alta patogenicidad. El riesgo radica en que las afectaciones a la fauna silvestre pueden causar la mortalidad de muchos individuos y disminuir de manera importante el tamaño poblacional de las especies. Esta drástica disminución en el número de individuos puede posteriormente ocasionar importantes alteraciones al ecosistema y en las cadenas tróficas.

El riesgo de propagación hacia otras especies de fauna es importante si se considera que las actividades humanas pueden favorecer la propagación a mayor velocidad y hacia lugares remotos. Además, el incremento de la ganadería –donde se concentran potenciales reservorios como ganado o aves de corral–, así como la cercanía con animales domésticos que pueden actuar como portadores incrementan el riesgo de transmisión hacia los humanos y fauna silvestre.

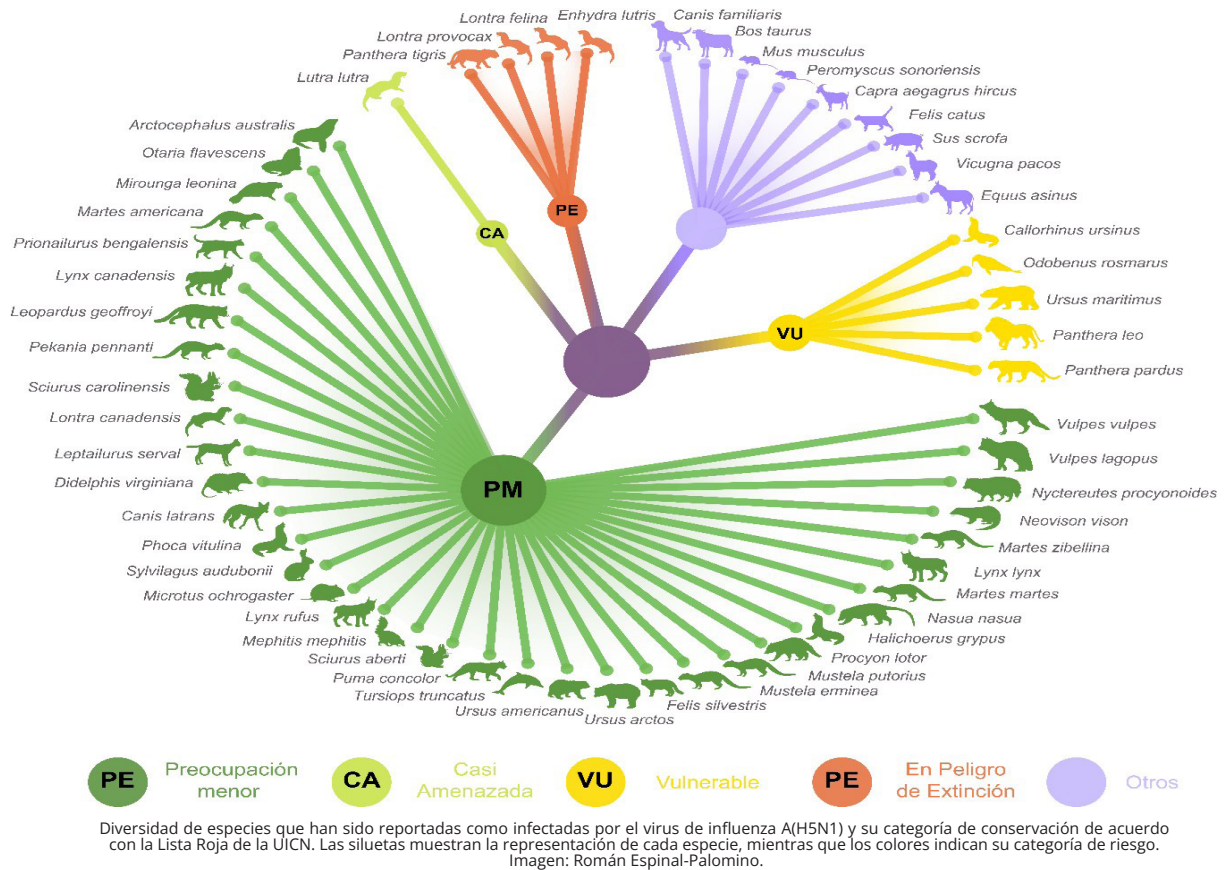
En México aún no se han reportado casos de mamíferos silvestre infectados. Sin embargo, el riesgo para el país puede ser inminente ya que la mayoría de los reportes de animales infectados en el norte del continente se encuentran en los Estados Unidos de América. En esta región, en donde se tiene registro de la presencia de animales infectados, se presentan áreas donde interactúan especies que comparten su rango de distribución con México y que además son especies generalmente abundantes, como es el caso de la zorra roja, mapaches y zorrillos. Por ello, mantener la vigilancia epidemiológica en esta y otras zonas de potencial distribución del virus es una tarea fundamental tanto para los investigadores como para el sistema de salud animal y pública, sobre todo porque casos de esta enfermedad han sido registrados en humanos en el país tan recientemente como este año.

De manera preventiva, es recomendable evitar o, en su caso, minimizar el contacto de la fauna doméstica -como gatos- con fauna silvestre, de acuerdo con las recomendaciones del Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés; <https://www.cdc.gov/>). Debido a las implicaciones que tiene en casos en materia de salud pública, es importante que las personas consideren la participación de personal calificado para el manejo adecuado de los animales que se consideren infectados, pero además se debe mantener vigilancia constante tanto en fauna doméstica como silvestre. Asimismo, se deben reforzar las medidas de prevención, y el establecimiento de protocolos, como el uso adecuado de equipo de protección personal por parte de quienes trabajan con fauna silvestre, evitar el contacto de con estos animales, en caso de que la persona presente algún resfriado, y utilizar guantes y cubrebocas durante toda la manipulación, a fin de reducir posibles riesgos de contagio.

Es posible que los casos de influenza A(H5N1) en fauna silvestre continúen en aumento. Por ello, mantener la vigilancia epidemiológica constante resulta fundamental, especialmente en aquellas especies de mamíferos que pertenecen a categorías de conservación sensibles

AGRADECIMIENTOS

El primer y segundo autores (RE-P y CRR-L) agradecen al Secihti por las becas No. 762425 (Beca de doctorado) y No.1200/320/2022 (Beca de Postdoc), respectivamente.



LITERATURA CONSULTADA

- Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. 2025. Managing cats and captive wild animals exposed to bird flu (H5N1). En: Centers for Disease Control and Prevention. 2025. Bird Flu. www.cdc.gov/bird-flu/hcp/animals/index.html. Consultado el 4 de noviembre de 2025.
- IUCN. 2025. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2025-2. www.iucnredlist.org. Consultado el 4 de noviembre de 2025.
- Lambertucci, S. A., A. Santangeli, y P. I. Plaza. 2025. The threat of avian influenza H5N1 looms over global biodiversity. *Nature Reviews Biodiversity* 1:7-9.
- Olsen, B., *et al.* 2006. Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science* 312:384-388.
- Peacock, T. P., *et al.* 2025. The global H5N1 influenza panzootic in mammals. *Nature* 637:304-313.
- Plaza, P. I., V. Gamarra-Toledo, J. R. Euguí, y S. A. Lambertucci. 2024. Recent changes in patterns of mammal infection with highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus worldwide. *Emerging Infectious Diseases* 30:1-10.
- Plaza, P. I., *et al.* 2024. Pacific and Atlantic sea lion mortality caused by highly pathogenic avian influenza A(H5N1) in South America. *Travel Medicine and Infectious Disease* 59:102712.

Sometido: 08/dic/2025.

Revisado: 20/dic/2025.

Aceptado: 23/dic/2025.

Publicado: 24/dic/2025.

Editor asociado: Dra. Alina Gabriela Monroy-Gamboa.