

Situación actual de la gripe aviar

Alejandro Palomo Gago¹

San Mil (Esp) 2007; 63 (1): 34-3

RESUMEN

En los últimos diez años, y más recientemente desde los últimos cinco años, la Influenza aviar (IA) ha emergido con gran virulencia, siendo en la actualidad uno de los principales problemas de sanidad animal a nivel mundial, con un avance epizootico, sin precedentes, que continúa en la actualidad.

Varios han sido los factores que han favorecido esta situación, como el incontrolado incremento de la producción avícola en varios países del sureste asiático, algunos de ellos con bajísimas condiciones de bioseguridad, y sin duda la aparición de una cepa, la H5N1, de gran virulencia y capacidad de difusión, que ha logrado mantenerse en una continua expansión desde 1996, afectando en la actualidad a países asiáticos, europeos y africanos.

Además del importante problema de sanidad animal que se ha creado, se ha puesto de manifiesto el carácter zoonótico de la influenza aviar y la patogenidad para la especie humana de los virus aviares hiperpatógenos (subtipo H5N1), que han dado lugar en el sureste asiático a casos humanos graves, con una mortalidad del 61%

INTRODUCCIÓN

El avance de la gripe aviar desde Asia, está generando una cierta alarma social, debido a la relación entre la influenza aviar, una enfermedad de las aves con poca capacidad de infectar a las personas, y la ya, tan renombrada, pandemia de gripe, que nadie puede asegurar que se pueda originar algún día, y que sin embargo, nuestra sociedad ya ha asociado con el avance de la «gripe del pollo».

La mala reputación de los virus influenza, está relacionada con las sucesivas pandemias de gripe que ha sufrido la humanidad. La pandemia de «gripe española» de 1918, que costó la vida a más de 20 millones de personas, la gripe asiática de 1957 y la gripe de Hong Kong de 1968, han dejado un nefasto recuerdo. Desde entonces, no se ha descrito ninguna otra pandemia, aunque sí numerosos brotes y epidemias.

Su actualidad emergente se justifica por el brote de 1997, en Hong Kong, que ya ha producido 167 víctimas mortales, por lo que no debe extrañar que sectores como el avícola, los medios de comunicación y hasta los consumidores, vean con preocupación la rápida expansión de la variante asiática del subtipo H5N1 del virus de la Influenza aviar.

1. INFLUENZA AVIAR VS. GRIPE HUMANA DE ORIGEN AVIAR

1.1. Influenza aviar

La influenza aviar, aunque se haya comenzado a hablar de ella hace unos diez años, ya existen referencias desde hace más de 120 años, cuando en 1878, el veterinario italiano, Eduardo Perroncito (fig. 1), describe en Italia un proceso infecto-contagioso en pollos, con una alta mortalidad.

Puede definirse como una enfermedad infecciosa, muy contagiosa, que afecta a aves silvestres y domésticas, con una elevada letalidad, y originada por el virus de la gripe tipo A, siendo los subtipos

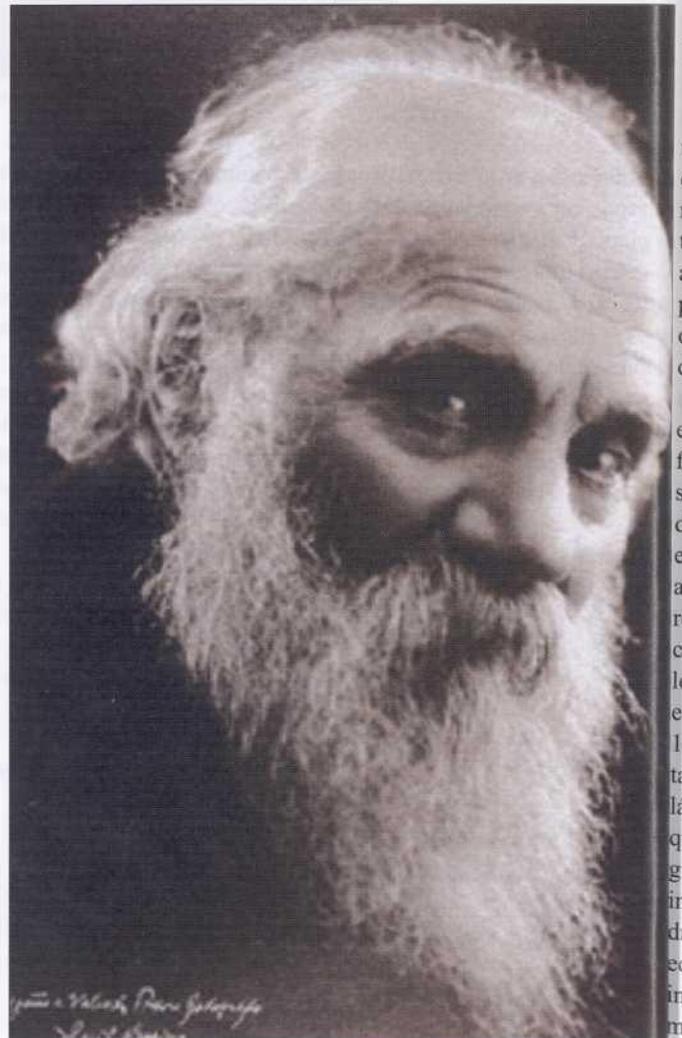


Fig. 1. Eduardo Perroncito. (Bosquejo de A. Perroncito, Registrado en la...

¹ Comandante Veterinario.
Jefe del Servicio de Sanidad Ambiental y NBQ.
«Instituto de Medicina Preventiva de la Defensa».
apalgag@etmde.es

pos H5 y H7 los que más daños han provocado. Hay que recordar no obstante que, tan sólo un pequeño número de los subtipos H5 y H7 se han manifestado como de alta patogenicidad, y que no todos son virulentos.

1.2. Gripe humana de origen aviar

En las personas, los virus A de la gripe, son los responsables de las infecciones respiratorias que aparecen como epidemias anuales, polianuales o como pandemias, a intervalos de entre 10 y 40 años. La elevada capacidad de estos virus para generar variantes antigénicas, su alta transmisibilidad, su estacionalidad y su impacto sobre la salud pública, han permitido definir la gripe como «una enfermedad constante, causada por un virus siempre variable».

Ocasionalmente, estos virus residentes en aves, son transmitidos a otras especies animales como cerdos, équidos, mamíferos marinos e incluso a la especie humana, que puede ser inmunológicamente virgen para el nuevo patógeno.

A la vista de la circulación generalizada de los virus aviares altamente patógenos, y de su transmisión ocasional al hombre, recientemente se ha tomado conciencia del posible riesgo de padecer una pandemia de consecuencias desconocidas.

1.3. Consideraciones taxonómicas

Los virus influenza, son ARN-virus de la Familia Orthomyxoviridae, que incluye entre otros, a los géneros Influenzavirus A, B y C, que son los que nos interesan, y que se diferencian en base a las características antigénicas de la proteína matriz M1, y de la nucleoproteína NP, que rodea a los segmentos de ARN. En el hombre se han aislado los tipos A, B, y C, aunque desde el punto de vista de la salud pública, los más importantes son los de tipo A que son los que han originado pandemias, mientras que en los animales sólo se ha aislado el tipo A.

El género Influenzavirus tipo A se divide a su vez en subtipos, en función de las características antigénicas de dos proteínas superficiales, la hemaglutinina (HA) y la neuraminidasa (NA), habiéndose descrito hasta ahora, 16 subtipos de HA (H1-H16) y 9 subtipos de NA (N1-N9). Todos los subtipos de HA y NA se han encontrado en las aves (aunque no en todas las combinaciones), siendo las aves acuáticas silvestres la fuente de todos los virus influenza para el resto de las especies, mientras que en los mamíferos los subtipos encontrados han sido muy pocos. Los cerdos, son receptivos a todos los subtipos aviares, aunque sólo se han aislado el H1N1 y el H3N2, en tanto que en los équidos se han aislado el H7N7 y el H3N8. En 1980, el 20% de la población de focas de la costa noreste de los Estados Unidos murieron debido a una enfermedad respiratoria, aislándose el subtipo H7N7, y representando la primera evidencia de que un virus de la influenza aviar estaba asociado con enfermedad grave en mamíferos. La última especie en entrar en la historia de la influenza ha sido el perro, cuando en el 2004 se aisló en un canódromo de Florida el subtipo H3N8, similar en un 96% a la cepa equina H3N2, una nueva demostración de la capacidad de los virus influenza para saltar la barrera de especie. Todos estos datos demuestran que la transmisión de los virus influenza A entre especies son relativamente frecuentes, principalmente de las aves a los ma-

míferos. En el caso de la población humana, la mayoría de los subtipos aislados han sido el H1N1, H2N2 y el H3N2.

Todo esto nos lleva a una primera consideración, y es que, teniendo en cuenta que el número de combinaciones posibles de subtipos es muy elevada, y dado que los que se han aislado en mamíferos son muy escasos, deben existir factores que determinen las restricciones del rango de especie, factores que aunque no se conocen con detalle, se han centrado principalmente en la hemaglutinina, que es la que reconoce el receptor en las células del hospedador. El hombre posee receptores, principalmente, en las células epiteliales del tracto respiratorio, las aves y équidos en la mucosa entérica y en la tráquea respectivamente, mientras que, en las células de la tráquea del cerdo predominan ambos tipos de receptores, lo que explica que estos animales sean susceptibles a los virus influenza del hombre y de las aves.

1.4. Estructura vírica

Los virus de la gripe aunque pleomórficos, son generalmente esféricos, con un diámetro de entre 80 y 120 nm y rodeados de una envoltura fosfolipídica, donde se encuentran, en forma de proyecciones, las dos proteínas externas mayoritarias en el virión, la hemaglutinina y la neuraminidasa. Tapizando la cara interna se encuentra la proteína matriz M1, dando consistencia a la estructura de la partícula vírica, y en el interior se encuentra el ácido nucleico, en forma de 8 segmentos de ARN, que constituye el genoma.

1.5. Hospedadores en las aves

Desde hace años se conoce que las aves silvestres, y especialmente las acuáticas, como patos, gansos, ocas, cisnes y gaviotas, son los reservorios naturales de los virus influenza A, destacando el ánade real o azulón, como la principal especie vectora (fig. 2).

Son receptivas todas las especies de aves, aunque algunas domésticas, son especialmente vulnerables, como las gallinas, pollos, pavos, faisanes, codornices y gallinas de Guinea. También son hospedadores habituales las aves de jaula y las aves de presa como, halcones y águilas. En las aves acuáticas, donde se han aislado todos los subtipos de los virus influenza, las infecciones suelen ser asintomáticas, sugiriéndose que se ha alcanzado un elevado nivel de



Fig. 2. Ánade real (*ANAS PLATYRHINCHOS*).

adaptación entre el virus y estos hospedadores, creándose así un reservorio que asegura la perpetuación de los virus influenza.

No hay evidencias de transmisión vertical del virus entre las aves, pero la cáscara de los huevos puede contaminarse con las heces, durante la puesta. Si bien en los mamíferos la influenza tiene una transmisión respiratoria, entre las aves la transmisión es principalmente por vía feco-oral, aunque también hay transmisión respiratoria.

1.6. Supervivencia del virus

Los virus influenza aviares son relativamente poco resistentes a las condiciones ambientales. Se inactivan a 56° C durante 3 horas y a 60° C en 30 min. Se inactivan también a pH ácido, y por agentes oxidantes y desinfectantes, como la formalina y compuestos de yodo, siendo viables durante mucho tiempo en los tejidos, las heces y el agua.

1.7. Patogenicidad de los virus influenza aviar

Además de la clasificación antigénica, anteriormente comentada, en el caso de los virus de la influenza aviar es muy importante la gran variabilidad de su patogenicidad, que va a depender de la interacción de factores del virus y del hospedador.

En 1992, la Unión Europea, definió los criterios para clasificar los virus aviares de alta patogenicidad, basándose en el índice de patogenicidad intravenoso (IPI), en su capacidad de crecimiento en cultivos celulares, y en la secuencia de aminoácidos de la hemaglutinina (HA). Los virus de la influenza aviar presentan un amplio rango de patogenicidad, siendo los más preocupantes, sin duda, los «altamente patógenos», donde se incluyen los subtipos H5 y H7, que producen una elevada mortalidad y que la Organización Internacional de Epizootias (OIE) incluye en la lista A de enfermedades infecciosas. Se consideran virus de «baja patogenicidad», el resto de subtipos H5 y H7 y resto de tipos HN, que no cumplan los criterios de la Unión Europea. En ambos casos, el período de incubación es de unas horas a 3 días, aunque puede prolongarse hasta 3 semanas. Una cuestión importante en términos epidemiológicos es, que se ha comprobado que los subtipos de baja patogenicidad pueden emerger en forma de alta patogenicidad, por lo que se considera que la patogenicidad del virus influenza es altamente impredecible.

1.8. Variaciones antigénicas de los virus Influenza

Los virus influenza tienen una gran facilidad para experimentar dos tipos de variaciones, en sus principales antígenos de superficie, la HA y la NA, que se denominan deriva antigénica y salto antigénico, y que tienen una gran repercusión desde el punto de vista epidemiológico y patogénico.

La deriva antigénica, consiste en cambios menores o mutaciones puntuales en los genes de la HA y NA, facilitadas por la falta de auto-corrección de errores durante la replicación, que da origen a la aparición de un nuevo subtipo, y que es uno de los sistemas de adaptación de los virus a la presión del sistema inmune de los hospedadores. La otra variación es el salto antigénico, que es un cambio mayor, drástico y total en la HA, en la NA, o en ambas, y que ocurre, bien por transmisión directa de un virus animal al hombre, o

bien cuando un hospedador es infectado por dos subtipos diferentes, dando lugar a la aparición de un nuevo virus, diferente al difundido hasta entonces entre la población. La coinfección no se produce fácilmente en el caso de los virus humanos, pero sí ocurre con cierta frecuencia en el caso de los animales, circunstancia de importancia crítica pues puede facilitar el origen de pandemias humanas.

2. ASPECTOS DE SALUD PÚBLICA

Las epidemias anuales de gripe, en las personas, son consecuencia de las variaciones menores de los virus tipo A, y con menor frecuencia, de los virus tipo B, estando actualmente ocasionadas por virus A H1N1 y H3N2, y por virus B, solos o en combinación. El virus gripal C está relacionado con la aparición de casos esporádicos. Las pandemias de gripe, por el contrario, están producidas por variaciones mayores del virus tipo A, siendo característica la presentación en varias ondas epidémicas, que pueden no ocurrir en los meses fríos y difundiendo en pocos meses por todo el mundo.

La gripe tiene una transmisión preferentemente interhumana y que existe cierto grado de restricción de hospedador, de tal manera que los virus A de los mamíferos y aves, no se transmiten habitualmente al hombre.

De momento, y con relación a la gripe aviar, no hay evidencia de contagio interhumano, ni tampoco de personal sanitario infectado por enfermos, sólo tenemos noticias de su transmisión interaviar y en casos excepcionales, de ave a persona, requiriendo este contagio un contacto directo, reiterado y prolongado con el ser humano. Otro punto importante a tener en cuenta es, que por ahora, no hay confirmación de transmisión por ingesta de aves, aunque la OMS recomienda que en las aves cocinadas se alcance en el interior de las piezas una temperatura de 70° C, lo que garantiza la inactivación completa del virus, en caso de que estuviera infectada el ave.

En este contexto, es por tanto lógico preguntarse que, si el virus se transmite entre aves y excepcionalmente a humanos, ¿dónde está el riesgo?

La máxima preocupación para las autoridades sanitarias es, sin duda, su posible transmisión al hombre, la posibilidad de que se produzca una mutación del virus, y que llegue a ser transmisible entre las personas, lo que posibilitaría la temida pandemia. En este momento, no puede predecirse si llegará a producirse la transmisión entre personas, pero aproximadamente tres veces cada siglo, y ya se han superado holgadamente los treinta años de intervalo interepidémico estándar, el virus sufre una mutación «mayor», que favorecería la aparición de un nuevo virus, encontrando a la población completamente susceptible, y pudiendo originar una pandemia.

Lógicamente el sistema asistencial y la salud pública en general han mejorado mucho en los últimos años, por lo que las consecuencias de pandemias anteriores, no pueden extrapolarse a la población actual, aunque el intenso intercambio de bienes y personas entre todos los países del mundo, podrían contrarrestar los mejores servicios sanitarios actuales.

2.1. Escenarios de una pandemia

Según la OMS, desde 1968 nunca se había detectado una situación con un riesgo tan elevado de iniciar una pandemia como la de

brote actual por el virus H5N1. Aunque es cierto que de momento, la intensidad e incluso la misma ocurrencia del riesgo son especulativas, también es cierto que nunca se ha expresado en los foros internacionales un temor tan concreto, ni se ha instado con tanta insistencia a los países a protegerse contra él.

El potencial pandémico asociado al subtipo H5N1 viene dado por una serie de razones muy preocupantes:

1. Su rápida capacidad de mutación, con tendencia a incorporar genes de virus de otras especies animales, incluyendo genes de tipos humanos.

2. Su potencial virulento.

3. Su capacidad de difusión, ya que las aves excretan el virus, durante al menos diez días, por vía oral, nasal y a través de las heces, lo que facilita su propagación.

4. El endemismo en algunas zonas rurales del sureste asiático, donde se convive con estas aves, haciendo difícil su control y siendo poco probable que desaparezca en un corto espacio de tiempo.

5. El virus H5N1 está aumentando su patogenicidad en aves y su resistencia en el ambiente, si se compara con la cepa de H5N1 que provocó el brote de 1997.

Si a todo esto añadimos:

6. Que el virus H5N1 está aumentando su rango de afectación a mamíferos, infectando a gatos, tigres y leopardos.

7. Que los patos domésticos pueden estar actuando como reservorios «silentes».

8. Y que a medida que pasa el tiempo, crece el número de personas infectadas, y por tanto, las probabilidades de que el hombre se infecte simultáneamente por cepas aviarias y de gripe humana aumentan notablemente.

Tras la aparición de un nuevo virus de la gripe, para que éste pueda iniciar una pandemia, se tienen que dar tres condiciones de riesgo:

- 1.^a Que el nuevo virus sea capaz de transmitirse a las personas.

- 2.^a Que sea capaz de multiplicarse en el hombre, provocando la enfermedad.

- 3.^a Y que sea capaz de transmitirse de forma eficaz de persona a persona, originando brotes.

Desde 1997, se han dado en varias ocasiones los dos primeros requisitos, pero no la transmisión interhumana. Efectivamente, hasta el 12 de marzo de 2007 se han confirmado 278 casos de personas infectadas, de las cuales 169 han fallecido, con una tasa de mortalidad del 61%. Por todas estas circunstancias, la OMS ha recomendado a todos los países que adopten medidas para que su sistema sanitario esté preparado para afrontar la eventualidad de una pandemia.

3. EVOLUCIÓN DEL BROTE DE GRIPE AVIAR A, H5N1

La historia del brote actual H5N1 que surgió en Asia, en 1996, todavía se está desarrollando y no es posible predecir ni cuándo, ni cómo terminará. Los acontecimientos principales son bien conocidos por todo el mundo, por lo que haremos una breve reseña de los hechos más importantes.

Es un brote con unas características especiales que no ha seguido el patrón normal, en cuanto a su patogenicidad para las aves y las personas. En las aves, hacia cuarenta y seis años que no se habían descrito infecciones letales de alta patogenicidad en aves silvestres,

desde que en 1961 se aisló de una población de estorninos en Ciudad del Cabo (Sudáfrica), mientras que en el hombre, aunque no se transmite con facilidad, la letalidad es mucho más elevada de lo normal en la gripe humana.

El precursor de los virus actuales H5N1 se detectó por primera vez en 1996, en el suroeste de China, en un escaso número de ocas muertes, pero no se le prestó ninguna atención, adquiriendo posteriormente, genes de virus de codornices (H9N2) y de cercetas (H6N1), para dar origen a un virus recombinante, el (H5N1), que se diseminó ampliamente en los mercados de aves vivas de Hong Kong, infectando a 18 personas, 6 de las cuales fallecieron.

En 1997, tuvo lugar en Hong Kong el primer foco epizootico, producido por el virus H5N1, creyéndose controlado después de sacrificios masivos de aves en varios países, pero que resurgió en 2003 con mayor virulencia, como veremos más tarde. Las cepas H5N1 aisladas en 1997, de los primeros casos humanos demostraron, por primera vez, que un virus influenza aviar podía transmitirse directamente al hombre sin experimentar una recombinación previa en otro mamífero, que actuase como huésped intermedio, aunque el virus no tenía capacidad para transmitirse de persona a persona.

A finales de 2002, aparecieron nuevos focos H5N1 en dos parques naturales de Hong Kong, y al compararse estas cepas con las de 1997, se comprobó que eran antigénicamente diferentes de las de 1997, habiéndose producido una gran deriva antigénica, aunque desde el punto de vista epidemiológico, se pueden considerar todos estos episodios, dentro de un mismo brote.

En noviembre de 2003, saltó la alarma en la República de Corea, con el primer brote, en aves, declarado a la OIE, identificándose el subtipo H5N1. A continuación y casi «en cascada» se sucedieron y se notificaron brotes de influenza aviar por el mismo virus A (H5N1) en Vietnam, Camboya, Japón, Hong-kong, Laos, Tailandia, Indonesia y China. No existía precedente histórico de brotes como estos, ni en su amplitud geográfica, ni en su distribución internacional, pues en la mayoría de estos países, era la primera vez que se presentaba la influenza aviar de alta patogenicidad o no la padecían desde hace muchos años. En estos países se sacrificaron más de 120 millones de aves domésticas para intentar la erradicación sin conseguirlo, ya que la enfermedad continuó extendiéndose. En marzo de 2004 cesaron las notificaciones de casos humanos, y esta primera oleada terminó con un balance de 8 fallecidos en Tailandia y 16 en Vietnam.

En 2005, comenzó un gran brote en la Reserva Natural del Lago Quinghai en China, que afectó a miles de patos y otras aves acuáticas, distribuyéndose seguidamente hacia el oeste hasta alcanzar Europa y África.

Desde el comienzo de la epizootia en diciembre de 2003, 58 países han notificado infecciones en aves silvestres y/o domésticas, destacando la reemergencia en países africanos como Egipto y Nigeria.

3.1. Situación de la gripe aviar en Europa

Los brotes de influenza aviar de alta patogenicidad se han mantenido, sin alcanzar Europa durante bastante tiempo. La epizootia en aves silvestres, en Europa, comenzó en febrero de 2006, relacionada con la migración de aves desde las regiones del Mar Negro y

del Mar Caspio, causada por un invierno especialmente frío. En las aves domésticas hubo muchos brotes, con un pico de la onda epizootica entre febrero y mayo de 2006, y a partir de esa fecha, finalizaron súbitamente los focos, con la excepción del caso español, un somormujo lavanco que apareció muerto en el mes de julio, en el embalse de Salburua, Vitoria, y que casi con toda seguridad estaba relacionado con los casos anteriores.

El primer caso detectado en el Viejo Continente fue, en el 2004, en dos águilas azor importadas ilegalmente y decomisadas en el aeropuerto de Bruselas. En 2005, apareció en el Reino Unido, en una instalación de cuarentena, en aves exóticas procedentes de países asiáticos, y en octubre de 2005, aparecieron los primeros focos en aves domésticas en Rumanía.

A partir de esa fecha, comenzaron a identificarse casos en los países de la Unión Europea. Finlandia, Italia y Suecia en el 2005. Austria, Alemania, Francia, Eslovenia, Eslovaquia, Dinamarca, Grecia, Hungría, Polonia, República Checa y España en el 2006. Otros países europeos en los que también ha habido casos o focos son Albania, Bulgaria, Croacia, Georgia, Rumanía, Rusia, Serbia, Suiza, Turquía, Chipre y Ucrania. En Europa, la mayoría de las aves afectadas han sido cisnes y patos. Actualmente en la mayoría de los países europeos no se registran casos desde hace meses y están considerados países libres de influenza aviar de alta patogenicidad por la OIE.

3.2. Migraciones de aves acuáticas en España

En el caso de España, no debemos olvidarnos que está incluida en la ruta denominada europea-occidental, comprendida entre las costas atlánticas, los Alpes y los Pirineos, y que la utilizan la mayoría de las aves del oeste de Europa, concentrándose en el Pirineo occidental para extenderse más tarde por la Península Ibérica y volver a estrecharse en Gibraltar. España acoge cada año, entre 2 y 3 millones de aves, destacando, la malvasía cabeciblanca que tiene todos sus efectivos en nuestro país, la cerceta pardilla o la focha moruna que tiene en España más del 60% de sus efectivos, así como gran cantidad de patos y gansos, destacando el ánade azulón, que supone más del 10% del censo total de aves acuáticas.

4. DIAGNÓSTICO

Los signos clínicos y la epidemiología pueden hacer sospechar de influenza, pero hay que hacer un diagnóstico diferencial con otras enfermedades que pueden causar también mortalidades elevadas, como es el caso del cólera aviar, laringotraqueitis infecciosa en pollos y enfermedad de Newcastle, entre otras, por lo que es necesario recurrir al diagnóstico de laboratorio para confirmar cualquier sospecha de influenza. Existen pruebas de diagnóstico rápido, mediante inmunofluorescencia, técnicas inmunoenzimáticas o inmunocromatográficas, sin embargo, la más sensible y específica sigue siendo la transcriptasa inversa y reacción en cadena de la polimerasa (RT-PCR), que es la prueba recomendada por la Directiva 2005/94/EC, y la técnica de elección por el Laboratorio de Referencia de la UE para la Influenza Aviar, en Weybridge (Reino Unido). Se debe recalcar que aunque los métodos de «screening» y

tipificación rápidos resultan muy útiles, no sustituyen al aislamiento del virus, que es el paso previo fundamental que permite una caracterización completa del virus.

5. CONTROL Y PROFILAXIS DE LA INFLUENZA AVIAR

5.1. Vacunación en las aves

En la Unión Europea, la vacunación está prohibida, salvo que sea una vacunación preventiva de aves especialmente expuestas.

Las vacunas homólogas inactivadas, que contienen la misma cepa que la del brote, tienen el inconveniente de no poder diferenciar entre las aves infectadas y las vacunadas, sin embargo, se han obtenido importantes resultados, utilizando un subtipo con la misma HA que la cepa de campo, pero con una NA diferente, de tal forma que se puede saber si los anticuerpos generados, responden a la enfermedad natural o a la vacunación. Hoy se trabaja también, en vacunas recombinantes pero aún no están autorizadas en la Unión Europea.

En España, las medidas para el control de la enfermedad vienen recogidas en el «Manual Práctico de Lucha contra la Influenza Aviar de Alto Grado de Patogenicidad», publicado por el Ministerio de Agricultura en el 2005, además de programas y protocolos, que cubren todas las situaciones epidemiológicas posibles y las medidas a tomar en cada caso. El Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación, dispone de un «Plan de Vacunación de Urgencia», con un banco de 10 millones de dosis de vacunas bivalentes H5N9-H7N1.

Por su parte el Ministerio de Sanidad y Consumo, en colaboración con las Comunidades Autónomas (CCAA), ha tomado una serie de medidas preventivas, incluidas en el «Plan Nacional de Preparación y Respuesta ante una Pandemia de Gripe».

6. CONCLUSIONES

Durante estos diez últimos años, el virus de la gripe aviar H5N1 ha ido aumentando el número de especies afectadas y ampliando su distribución geográfica. Los casos en personas han seguido apareciendo asociados a brotes en aves, y no se han obtenido, de momento, evidencias de transmisión sostenida y eficiente de persona a persona. A fecha mayo de 2007, el riesgo para la salud pública continúa en Fase 3.

No existe entre la comunidad científica consenso acerca del riesgo real que supone la gripe aviar, pues mientras muchos expertos consideran que la probabilidad de una pandemia es elevada, en el extremo contrario, otros opinan que existe una sobreestimación del riesgo. El virus H5N1 podría desaparecer sin más, acantonarse en las aves, o difundirse a la población humana y en este último caso, podría mantener una elevada virulencia o debilitarse y causar únicamente una enfermedad leve. Por otra parte, también es indudable, que a pesar de que la tan temida pandemia no se ha producido aún, y que quizás nunca se produzca, la realidad es que la influenza aviar ya ha representando un durísimo golpe para las economías, frecuentemente modestas, de algunos países del sureste asiático y africanos.