

Informe de seguimiento n°1

Referencia del informe: , Referencia OIE : 17125, Fecha del informe : 03/02/2015, País : Estados Unidos de América

Resumen del informe

Nombre de quien envía el informe	Dr John Clifford	Teléfono	(1-202) 799-7146
Posición	Deputy Administrator	Fax	(1-202) 799-7146
Dirección	Room # 317-E	Correo electrónico	John.Clifford@aphis.usda.gov
	Jamie L. Whitten Federal Building 1400 Independence Ave, SW Washington, DC 20250 Washington 20250	Fecha de envío del informe a la OIE	03/02/2015

Tipo de animal	Terrestres	Fecha del informe	03/02/2015
Enfermedad	Influenza aviar altamente patógena	Fecha del inicio del evento	16/01/2015
Agente etiológico	Virus de la influenza aviar altamente patógena	Fecha de pre-confirmación del evento	16/01/2015
Serotipo(s)	H5N1	Fecha de la última aparición	2004
Motivo	Reaparición de una enfermedad de la Lista de la OIE	Diagnóstico	Pruebas de diagnóstico de laboratorio avanzadas (ej. virología, microscopía electrónica, biología molecular e inmunología)
País o zona	Una zona o compartimento	Signos clínicos	No
Número de focos notificados	enviar= 1, Borrador= 0		

Detalles de los focos

State	Número de focos	County		Tipo de Unidad Epidemiológica	Localización	Latitud	Longitud	Fecha de inicio	Fecha de término
WASHINGTON- (otro informe - enviado)	-	Whatcom		No aplicable	Condado de Whatcom	48.796	-121.866	16/01/2015	
Especies	Unidades de medida	Susceptibles	Casos	Muertos	Destruídos	Sacrificados			
Cerceta americana: Anatidae (Anas carolinensis)	Animales			
Población afectada	Cerceta americana silvestre								

Resumen de focos: Número total de focos = 1 (Enviar)

Especies	Susceptibles	Casos	Muertos	Destruídos	Sacrificados
Cerceta americana					

Epidemiología

Otros detalles epidemiológicos / comentarios

Como parte de la intensificación de la vigilancia para la influenza aviar en las aves silvestres (realizada analizando las aves cazadas recolectadas), se ha identificado otro virus H5 euroasiático clado 2.3.4.4 a través de la secuenciación del genoma completo del virus aislado. La introducción de este virus H5N8 euroasiático en la ruta migratoria del Pacífico a finales de 2014 ha permitido su mezcla con virus del linaje norteamericano y ha generado combinaciones nuevas con genes de origen tanto euroasiático como norteamericano (o virus "recombinantes") tales como el virus recombinante H5N2 euroasiático/norteamericano detectado en Canadá y Estados Unidos. Estos hallazgos no son inesperados ya que el virus H5N8 euroasiático sigue circulando.

Se ha aislado en una cerceta americana en el condado de Whatcom, Washington, un nuevo virus recombinante H5N1 euroasiático/norteamericano clado 2.3.4.4. Este subtipo H5N1 es diferente de la cepa que circula en Asia. La constelación genética es la siguiente: genes del linaje euroasiático (PB2, H5, NP, MP > 99% idénticos a A/gyrfalcon/WA/41088/2014 H5N8); genes del linaje norteamericano (PB1 {98% idéntico a A/Northern pintail/Washington/40964/2014 H5N2}, PA, N1, NS del linaje de la influenza aviar levemente patógena norteamericana en aves silvestres. El sitio de clivaje HA es compatible con cepas que son altamente patógenas.

Al 2 de febrero de 2015, no se ha detectado ningún otro caso del nuevo virus H5N1 euroasiático/norteamericano.

No se ha detectado este nuevo virus recombinante H5N1 euroasiático/norteamericano de la influenza aviar altamente patógena en aves de corral comerciales en ningún lugar de los Estados Unidos.

Fuente del o de los focos u origen de la infección

- Contacto con animales silvestres

Medidas implementadas

Ninguna medida de control	
Animales tratados	Vacunación prohibida

Animales tratados	Vacunación prohibida
No	Sí

Informes futuros

El episodio continúa. Informes de seguimiento semanales serán enviados

Mapa de focos

