



Comisión Intersectorial para la Prevención y el Control de la Influenza Zoonótica en las Américas (CIPCIZA)

Informe de la Reunión de Expertos del Grupo de Trabajo de la CIPCIZA

Grupo de trabajo en Vigilancia Genómica de Virus Influenza con Potencial Pandémico

Organización Panamericana de la Salud
6 y 7 de noviembre de 2025
Brasilia, Brasil

OPS

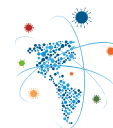


Organización
Panamericana
de la Salud



Organización
Mundial de la Salud
Región de las Américas

PANAFTOSA
Centro Panamericano de Fiebre Aftosa
y Salud Pública Veterinaria



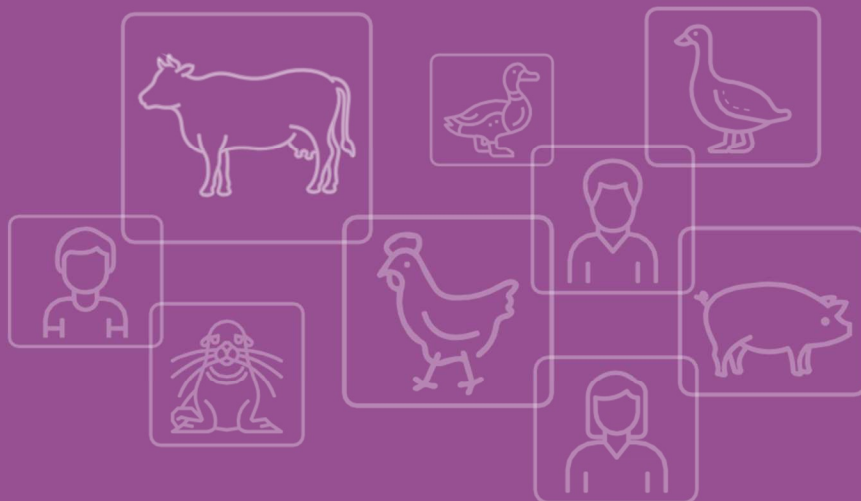
SARInet plus
Red de infecciones respiratorias agudas graves



Contenido

Introducción	6
Mandato de CIPCIZA	6
Situación regional de la influenza zoonótica	7
Vigilancia genómica en el enfoque Una Sola Salud	8
Reunión de Expertos del Grupo de Trabajo de la CIPCIZA	9
Objetivos y alcance técnico	10
Capacidades de secuenciación genética	11
Hallazgos principales	12
Plataformas de secuenciación utilizadas en la región	12
Integración de capacidades entre salud humana, animal y ambiental	12
Bioseguridad, logística y manejo de muestras	13
Sostenibilidad técnica y financiera	13
Recomendaciones	14
Reducir las brechas en capacidades de secuenciación	14
Estandarizar criterios para la priorización de muestras	14
Fortalecer protocolos de bioseguridad, logística y transporte	14
Asegurar la sostenibilidad técnica y financiera	14
Ejemplos y experiencias país	15
Uruguay - DILAVE/MGAP: inversión estratégica y alianza con academia.....	15
Bolivia - Secuenciación progresiva con apoyo regional	16
Análisis filogenético y bioinformática	17
Hallazgos principales	18
Flujos de trabajo bioinformáticos y herramientas utilizadas.....	18
Metadatos, infraestructura bioinformática y repositorios	18
Control de calidad y estandarización del análisis	19
Capacidades humanas y retención de talento	19
Interpretación de hallazgos genómicos relevantes	19
Evaluación de riesgos	19
Ejemplos y experiencias país	20
Brasil - LFDA/MAPA: filogenia para decisiones sanitarias diferenciadas.....	20
Chile - ISP/SAG: workflows estandarizados	20
Argentina - Colaboración para la caracterización genómica.....	21
Recomendaciones	22
Adoptar pipelines para análisis filogenético.....	22
Armonizar estándares de control de calidad.....	22
Fortalecer la infraestructura bioinformática	22
Invertir en capacitación y retención de talento.....	22
Definir criterios comunes para la interpretación de hallazgos genómicos.....	22
Integrar análisis filogenético en evaluación de riesgos.....	23

Coordinación intersectorial y gestión de datos y de información	24
Hallazgos principales	25
Roles y responsabilidades sectoriales	25
Mecanismos de coordinación.....	25
Sostenibilidad de la coordinación.....	26
Comunicación del riesgo y apoyo a decisores.....	26
Plataformas de intercambio de datos genómicos.....	27
Marcos legales, confidencialidad y autoría	27
Flujos de información intersectoriales.....	27
Integración con vigilancia epidemiológica y ambiental	28
Interoperabilidad y estandarización de metadatos	28
Recomendaciones	29
Institucionalizar la coordinación intersectorial.....	29
Definir y formalizar roles y responsabilidades sectoriales	29
Designar puntos focales y grupos técnicos intersectoriales	29
Desarrollar productos de comunicación del riesgo.....	29
Establecer marcos legales y acuerdos interinstitucionales permanentes	30
Definir reglas claras sobre confidencialidad, acceso y autoría.....	30
Sistematizar los flujos de información intersectoriales	30
Integrar la información genómica con otras fuentes de vigilancia	30
Estandarizar metadatos y formatos de intercambio	30
Ejemplos y experiencias país	30
Chile - Sistema de Alerta Local Integrado (evento H5N1)	30
Canadá - Tableros nacionales integrados (CFIA / ECCC / CWHC)	31
Conclusiones	33
Anexos	35
Anexo 1 Nota conceptual	36
Anexo 2 Agenda	38
Anexo 3 Métodos de la reunión	40
Anexo 4 Participantes.....	43
Anexo 5 Referencias clave.....	44
Anexo 6 Reunión Satélite	45



Introducción

Mandato de CIPCIZA

En marzo de 2024, la Organización Panamericana de la Salud (OPS) convocó a los 35 Estados Miembros para establecer la Comisión Intersectorial para la Prevención y el Control de la Influenza Zoonótica en las Américas (CIPCIZA)^{1, 2}. La iniciativa tuvo como objetivo fortalecer la colaboración entre los sectores de salud humana, sanidad animal y ambiente, y mejorar de manera coordinada la preparación y respuesta frente a la influenza zoonótica en la región. Durante esta reunión fundacional, se acordó la creación de grupos de trabajo especializados en áreas prioritarias, como vigilancia, evaluación de riesgos, capacidades de laboratorio, preparación y respuesta.

CIPCIZA funciona como un mecanismo técnico regional para fortalecer la preparación, la vigilancia y la respuesta frente a la influenza zoonótica en el interfaz humano-animal-ambiente. Su propósito es facilitar la colaboración intersectorial mediante el intercambio oportuno de información, la armonización de enfoques técnicos y el uso de evidencia científica para la toma de decisiones, contribuyendo a reducir el riesgo de emergencias sanitarias y de transmisión de virus zoonóticos con impacto en la salud pública.

La CIPCIZA es coordinada por la OPS/OMS, que ostenta el secretariado a través del Centro Panamericano de Fiebre Aftosa y Salud Pública Veterinaria (PANAFTOSA-SPV) y de la Unidad de Gestión de Amenazas Infecciosas del Departamento de Emergencias en Salud (IHM/PHE).

¹ [PAHO and countries of the Americas seek to establish an intersectoral commission to prevent and control avian influenza - PAHO/WHO | Pan American Health Organization](#)

² [Call to action to establish the Intersectoral Commission for the Prevention and Control of Zoonotic Influenza in the Americas - OPAS/OMS | Organização Pan-Americana da Saúde](#)

El mandato de CIPCIZA impulsa el fortalecimiento de capacidades nacionales y regionales, incluyendo la vigilancia epidemiológica, virológica y genómica, la evaluación intersectorial de riesgos y la preparación para la respuesta, así como la formulación de recomendaciones técnicas alineadas con el enfoque de Una Sola Salud. A través de reuniones técnicas, grupos de trabajo y productos consensuados, CIPCIZA contribuye a consolidar una respuesta regional más coherente, sostenible y basada en evidencia frente a la amenaza persistente de la influenza zoonótica.

Situación regional de la influenza zoonótica

En los últimos años, la Región de las Américas ha enfrentado una circulación sostenida de virus de influenza aviar, con impactos recurrentes en aves domésticas, fauna silvestre y, de manera esporádica, en humanos. La expansión geográfica del virus influenza A de alta patogenicidad, en particular subtipo H5N1 del clado 2.3.4.4b ha evidenciado su capacidad para mantenerse en ecosistemas silvestres y adaptarse a distintos hospederos³.

La identificación de infecciones en diversas especies de aves silvestres y de mamíferos silvestres y domésticos, así como de brotes en aves de corral, ha incrementado la complejidad del panorama epidemiológico regional. Estos incidentes no solo amenazan la biodiversidad, la sanidad animal y el comercio internacional, sino que también representan múltiples oportunidades de exposición humana, en particular para trabajadores avícolas, personal de sanidad animal, profesionales de fauna silvestre y comunidades con sistemas de traspatio.

Aunque los casos humanos son raros y no se ha documentado transmisión entre personas, la presencia del virus en el ambiente y su circulación en diferentes ecosistemas justifican una vigilancia constante y basada en riesgos. La región presenta una marcada heterogeneidad en las capacidades de vigilancia, diagnóstico y respuesta, tanto entre países como entre sectores, lo que puede impactar en la detección temprana y limitar la evaluación oportuna del riesgo zoonótico.

La influenza zoonótica representa una amenaza influenciada por diversos factores ecológicos y climáticos, tales como las rutas migratorias de aves, la producción avícola y los cambios en las interacciones entre humanos, animales y el medio ambiente. Estos elementos enfatizan la necesidad de fortalecer los sistemas intersectoriales de vigilancia, preparación y respuesta que integren datos epidemiológicos, virológicos, genómicos y ambientales para prevenir riesgos y guiar acciones preventivas y de control, en línea con Una Sola Salud.

³ <https://www.paho.org/es/documentos/actualizacion-epidemiologica-influenza-aviar-ah5n1-region-americas-15-octubre-2025>

Vigilancia genómica en el enfoque Una Sola Salud

La vigilancia genómica se ha consolidado como un componente esencial de los sistemas de vigilancia de la influenza zoonótica, particularmente cuando se aborda desde el enfoque de Una Sola Salud. Este enfoque reconoce que la salud humana, la sanidad animal y el ambiente están estrechamente interconectados, y que la detección temprana y la evaluación adecuada del riesgo dependen de la integración de la información generada en estos tres ámbitos.

El análisis del genoma viral permite caracterizar los virus de influenza en circulación, identificar linajes y clados, detectar eventos de reagrupamiento y monitorear mutaciones asociadas a la adaptación a mamíferos, la transmisibilidad o la resistencia a antivirales. Cuando estos hallazgos se integran con datos epidemiológicos, clínicos y ambientales, la vigilancia genómica aporta información crítica para anticipar escenarios de riesgo y orientar acciones de prevención y control.

En el contexto de la influenza zoonótica, la vigilancia genómica cobra especial relevancia debido a la circulación del virus en múltiples especies y ecosistemas. La detección de virus en aves silvestres, aves domésticas y mamíferos, así como los casos esporádicos en humanos, genera interfaces dinámicas donde el virus puede evolucionar y adquirir nuevas características. La aplicación del enfoque Una Sola Salud permite interpretar estos hallazgos de manera integral, considerando factores ecológicos, productivos y ocupacionales que influyen en la exposición y el riesgo.

Asimismo, la vigilancia genómica fortalece la articulación entre los sectores de salud humana, sanidad animal y ambiente, promoviendo el intercambio oportuno de información y la armonización de criterios técnicos. No obstante, para maximizar su impacto, es fundamental que los datos genómicos se generen conforme a estándares de calidad comunes, se compartan de manera oportuna y se traduzcan en insumos claros para la toma de decisiones. El valor de la vigilancia genómica se materializa cuando los datos generados se traducen en información accionable, capaz de orientar prioridades de vigilancia, medidas de control y acciones de prevención.

En este sentido, la vigilancia genómica, integrada en un marco de Una Sola Salud, no constituye un fin en sí mismo, sino una herramienta estratégica para apoyar la evaluación intersectorial de riesgos y fortalecer la preparación y respuesta frente a la influenza zoonótica en la región.

Reunión de Expertos del Grupo de Trabajo de la CIPCIZA

En los días 6 y 7 de noviembre de 2025, expertos y delegados multisectoriales se reunieron en la sede de la OPS en Brasil para analizar el contexto regional y avanzar en la formulación de recomendaciones clave sobre vigilancia genómica intersectorial de la influenza zoonótica en el marco de la CIPCIZA. En este encuentro técnico participaron especialistas de los ministerios de Salud, los servicios veterinarios oficiales y las autoridades ambientales de diez países, así como representantes de la FAO, la red OFFLU (FAO y OMSA), la Comunidad Andina (CAN), el Comité Veterinario Permanente del Cono Sur (CVP), el Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA), la Organización Mundial de la Salud (OMS), el Centro Colaborador de la OMS St. Jude y el ámbito académico. Esta composición reflejó el carácter intersectorial y regional del grupo de trabajo, en coherencia con el enfoque de Una Sola Salud.

La reunión se desarrolló como un ejercicio técnico-participativo, combinando presentaciones plenarias, intercambio de experiencias nacionales y trabajo en grupos temáticos. Las discusiones se organizaron en torno a ejes operativos clave – capacidades de secuenciación genética, análisis filogenético y bioinformático, intercambio de información y aplicaciones de la vigilancia genómica para la evaluación de riesgos – con el objetivo de identificar avances, brechas y prioridades comunes. Este proceso permitió generar insumos técnicos consensuados y formular recomendaciones orientadas a fortalecer la integración de la vigilancia genómica en los sistemas nacionales y regionales de vigilancia de la influenza zoonótica.

Objetivos y alcance técnico

Los grupos de trabajo técnicos intersectoriales tienen como objetivo principal proporcionar asesoramiento científico, orientación técnica y recomendaciones a la CIPCIZA. Estas contribuciones están basadas en el conocimiento y la experiencia de especialistas reconocidos en influenza zoonótica, provenientes de los sectores de salud pública, sanidad animal y ambiente.

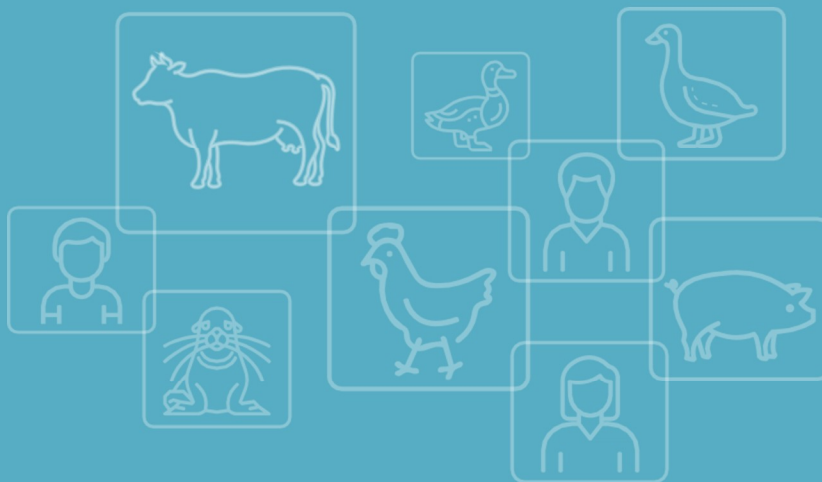
Los grupos de trabajo también permiten identificar brechas, fortalecer capacidades técnicas, fomentar la cooperación entre países y sectores y, promover la adopción de buenas prácticas. Estos espacios de colaboración técnica son esenciales para avanzar hacia una respuesta regional más coordinada, basada en evidencia y adaptada a los desafíos emergentes de la influenza zoonótica.

A partir de los aportes de los expertos y de las experiencias compartidas por los países en el Grupo de Trabajo de la CIPCIZA sobre Vigilancia Genómica, este documento busca fortalecer la comprensión del rol de la genómica como herramienta clave para la detección temprana, la evaluación de riesgos y la toma de decisiones integradas bajo el concepto de Una Sola Salud en todos los sectores involucrados.

El alcance técnico del Grupo de Trabajo se centra en la vigilancia genómica de virus de influenza zoonótica con potencial impacto en la salud pública, abarcando las capacidades de secuenciación, análisis filogenético y bioinformático, intercambio de información y aplicación de los resultados genómicos para la evaluación de riesgos, la preparación y la respuesta ante brotes.

El informe tiene como propósito registrar las orientaciones técnicas y recomendaciones del Grupo de Trabajo sobre Vigilancia Genómica de la CIPCIZA que puedan adaptarse a los diferentes contextos nacionales, considerando la heterogeneidad de capacidades y recursos en la región. Asimismo, se enfoca en identificar buenas prácticas, brechas críticas y oportunidades de fortalecimiento de la vigilancia genómica a nivel nacional y regional, apoyándose en ejemplos concretos compartidos durante la reunión de expertos.

Finalmente, su alcance se delimita al ámbito técnico-operativo de la vigilancia genómica y a su integración con la vigilancia epidemiológica y ambiental, orientado a apoyar la planificación, la coordinación intersectorial y el desarrollo de productos técnicos que refuercen la preparación y la respuesta frente a la influenza zoonótica en las Américas.



Capacidades de secuenciación genética

Este capítulo examina las capacidades de secuenciación genética disponibles en la región para la vigilancia de la influenza zoonótica, incluyendo las plataformas tecnológicas utilizadas, la distribución de capacidades entre los sectores de salud humana, sanidad animal y ambiente, y los aspectos relacionados con la bioseguridad, la logística y el manejo de muestras. De igual manera, considera los elementos que condicionan la sostenibilidad financiera y tecnológica de estas capacidades a mediano y largo plazo.

La secuenciación genética constituye un componente central de la vigilancia genómica, al permitir la caracterización de los virus en circulación y apoyar el análisis de su evolución. Para maximizar su impacto, es esencial que estas capacidades se integren de manera coordinada entre diferentes sectores, se utilicen estándares comunes de calidad y se incorporen de forma estructural en los planes nacionales y regionales de vigilancia.

Hallazgos principales

El análisis de las capacidades de secuenciación genética disponibles en la región permitió identificar avances relevantes, así como desafíos persistentes para su uso oportuno y sostenible en el contexto de la influenza zoonótica. En términos generales, la región cuenta con una base técnica fortalecida a partir de la pandemia de COVID-19; sin embargo, subsisten brechas importantes entre países y entre sectores que condicionan la continuidad y el impacto de la vigilancia genómica.

Plataformas de secuenciación utilizadas en la región

Predominan en la región las plataformas de secuenciación de nueva generación, principalmente Illumina y Oxford Nanopore, con uso complementario de Sanger en situaciones específicas. Estas tecnologías se concentran mayoritariamente en laboratorios de salud pública y, en menor medida, en laboratorios de sanidad animal y en instituciones académicas. Si bien esta diversidad tecnológica ofrece flexibilidad para responder a distintos escenarios, también plantea desafíos en la estandarización de metodologías, los tiempos de respuesta para generación de datos genómicos y la comparabilidad de los resultados entre laboratorios y países.

Integración de capacidades entre salud humana, animal y ambiental

Las capacidades de secuenciación se distribuyen de manera desigual entre los sectores de salud humana, sanidad animal y ambiente. En muchos países, el sector de salud humana concentra mayor experiencia técnica e infraestructura, mientras que los sectores animal y ambiental dependen con frecuencia de acuerdos informales o del envío de muestras a laboratorios de referencia. La integración de capacidades mediante esquemas de colaboración intersectorial y el uso compartido de infraestructura y recursos humanos se identifican como una oportunidad clave para optimizar recursos.

Bioseguridad, logística y manejo de muestras

La bioseguridad y la logística asociadas al manejo y transporte de muestras continúan siendo uno de los principales cuellos de botella para la secuenciación oportuna. Persisten dificultades relacionadas con permisos, procedimientos aduaneros, disponibilidad de transporte especializado y requisitos para el envío de material infeccioso. En este contexto, el uso de material genético inactivado surge como una alternativa viable para reducir riesgos y acelerar los procesos, siempre que existan protocolos estandarizados y capacidades técnicas adecuadas en los laboratorios receptores.

Sostenibilidad técnica y financiera

La sostenibilidad de las capacidades de secuenciación constituye un desafío transversal. El mantenimiento de equipos, la adquisición regular de reactivos, la actualización tecnológica y la retención de personal especializado requieren financiamiento estable, que no siempre se mantiene una vez superadas las emergencias sanitarias. La dependencia de proyectos de corto plazo o de cooperación externa limita la planificación a mediano y largo plazo y afecta la continuidad de la vigilancia genómica.

Estas brechas reducen la capacidad de producir información genómica de manera sistemática y oportuna para apoyar la evaluación de riesgos y la toma de decisiones, y refuerzan la necesidad de fortalecer enfoques sostenibles e integrados a nivel nacional y regional.

Recomendaciones

Reducir las brechas en capacidades de secuenciación

Promover esquemas de colaboración que permitan el uso compartido de plataformas, infraestructura y recursos humanos entre sectores y países. Esto incluye acuerdos intersectoriales dentro de los países que garanticen el intercambio de muestras para secuenciación según las capacidades de cada sector (por ejemplo, del sector animal o ambiente al sector humano), acuerdos para el envío de muestras a laboratorios de referencia, redes de apoyo técnico y mecanismos de cooperación regional que permitan una cobertura más equitativa de la vigilancia genómica.

Estandarizar criterios para la priorización de muestras

Definir criterios claros y basados en el riesgo para decidir qué muestras deben secuenciarse, priorizando eventos inusuales por su comportamiento clínico o su magnitud (alta mortalidad/morbilidad), especies de fauna relevantes, nuevas especies afectadas, ubicación en áreas de mayor riesgo, expansión geográfica del virus o situaciones con implicancias para la salud pública. Asimismo, se consideran criterios técnicos, como muestras con un valor de Ct (Cycle Threshold) inferior a 25, para optimizar los resultados exitosos en la secuenciación genómica. La priorización contribuye a optimizar los recursos y a maximizar el valor de la información generada.

Fortalecer protocolos de bioseguridad, logística y transporte

Armonizar protocolos para el manejo y transporte de muestras humanas, animales y ambientales, abordando barreras regulatorias y logísticas. Cuando sea técnicamente viable, promover el uso de material genético inactivado como alternativa para reducir riesgos y acelerar los tiempos de procesamiento. Implementar protocolos de control de calidad que contemplen desde la toma de la muestra hasta los algoritmos de análisis de los datos genómicos.

Asegurar la sostenibilidad técnica y financiera

Integrar la secuenciación genómica en los presupuestos y planes nacionales de vigilancia, contemplando mantenimiento de equipos, adquisición de reactivos, insumos y actualización de la tecnología. Explorar mecanismos regionales de apoyo que permitan reducir la dependencia de financiamiento de corto plazo y asegurar la continuidad de las capacidades.

Ejemplo

Uruguay - DILAVE/MGAP: inversión estratégica y alianza con academia

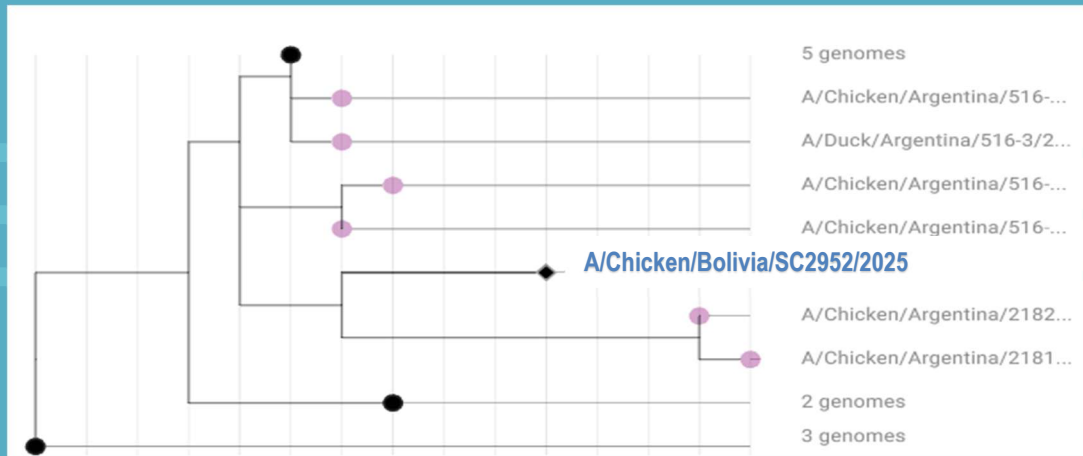
En Uruguay, el Departamento de Investigación en Laboratorio Veterinario (DILAVE) del MGAP consolidó una estrategia de fortalecimiento de capacidades mediante la adquisición de un secuenciador Oxford Nanopore MinION con apoyo del sector académico y alianzas público-privadas. Esta inversión permitió la instalación de secuenciación local, la formación de un área de bioinformática propia y un flujo de análisis más autónomo durante eventos de influenza aviar. La vinculación con universidades acortó los tiempos de interpretación y facilitó la transferencia de conocimientos técnicos. Como resultado, el país redujo su dependencia de laboratorios externos para la generación de secuencias completas, lo que fortaleció su respuesta a brotes en aves sin perder tiempo en cadenas logísticas de envío de muestras.

Fuente: <https://udelar.edu.uy/noticias/seminario-influenza-aviar-en-uruguay-vigilancia-y-secuenciacion-genomica>

Ejemplo

Bolivia - Secuenciación progresiva con apoyo regional

Bolivia avanzó progresivamente en sus capacidades genómicas, con capacidad de análisis local y apoyo regional. En septiembre de 2025, SENASAG detectó un brote de influenza aviar de alta patogenicidad (IAAP). La coordinación directa del Centro Nacional de Influenza en CENETROP con el laboratorio veterinario oficial (SENASAG) UNALAB en Bolivia permitió secuenciar las muestras en el país, con soporte técnico regional para la interpretación de los resultados. Esta estrategia mixta redujo los tiempos de respuesta y fortaleció las capacidades nacionales, permitiendo al sistema nacional incorporar de forma gradual procedimientos estandarizados para el análisis genómico sin depender exclusivamente de laboratorios extranjeros.



Fuente: <https://www.paho.org/es/noticias/31-7-2025-bolivia-continua-fortaleciendo-su-capacidad-vigilancia-genomica-con-apoyo>



Análisis filogenético y bioinformática

Este capítulo aborda los componentes técnicos y operativos del análisis filogenético y bioinformático aplicados a la vigilancia genómica de la influenza zoonótica. Incluye los flujos de trabajo utilizados para el procesamiento y análisis de secuencias, las herramientas bioinformáticas empleadas, los criterios de control de calidad y estandarización, así como la infraestructura disponible para el análisis, almacenamiento y gestión de datos. Además, considera las capacidades de recursos humanos requeridas para mantener estos procesos, incluyendo la formación, la continuidad y la retención del personal especializado.

El análisis filogenético constituye un elemento central para interpretar la evolución viral, identificar linajes y clados, detectar eventos de reagrupamiento y contextualizar los hallazgos genómicos en relación con la epidemiología y el riesgo zoonótico. Para que estos análisis sean comparables y útiles a nivel regional, resulta fundamental contar con flujos de trabajo armonizados, estándares de calidad, pipelines y mecanismos que faciliten el intercambio de información y datos.

Hallazgos principales

Flujos de trabajo bioinformáticos y herramientas utilizadas

Se observó un amplio uso de herramientas bioinformáticas consolidadas para el ensamblaje, alineamiento y análisis filogenético; no obstante, los flujos de trabajo difieren notablemente entre países y sectores.

Herramienta	Función	Países que la utilizan
FastQC / FastP	Control de calidad	Todos
BWA / Samtools / GATK	Mapeo Ensamblaje	General
MAFFT	Alineamiento	General
IRMA	Ensamblaje por referencia	Chile, México, Panamá
Nextstrain / Nextclade	Análisis filogenético	Chile, México, Panamá
SPAdes	Ensamblaje de novo	Brasil, México

Metadatos, infraestructura bioinformática y repositorios

Se identificaron limitaciones en la infraestructura bioinformática en varios países, particularmente en capacidad computacional, almacenamiento seguro y acceso a servidores locales o soluciones en la nube, donde coexisten ambos modelos y persisten desafíos en seguridad, confidencialidad y respaldo de datos sensibles. La ausencia de repositorios regionales compartidos para secuencias, datos crudos, metadatos y pipelines dificulta el análisis colaborativo y la generación de productos regionales integrados en tiempo real. De esta forma, la falta de estandarización de metadatos entre sectores limita la interoperabilidad y la comparabilidad necesarias para un análisis filogenético intersectorial robusto. En el ámbito de la gestión, se observan obstáculos vinculados a permisos de instalación de software y a la implementación de accesos diferenciados, aspectos clave para garantizar gobernanza y trazabilidad en las plataformas analíticas.

Control de calidad y estandarización del análisis

Persisten diferencias en los criterios utilizados para evaluar la calidad de las secuencias, incluyendo cobertura, profundidad, proporción de bases ambiguas y manejo de datos incompletos. La falta de estándares comunes para el control de calidad y la validación de resultados puede afectar la interpretación filogenética y la confianza en los hallazgos, particularmente cuando estos se utilizan para apoyar evaluaciones de riesgo y decisiones intersectoriales.

Capacidades humanas y retención de talento

Las capacidades humanas en bioinformática y análisis filogenético resultan insuficientes y desigualmente distribuidas. La alta rotación de personal, la dependencia de pocos con perfiles bioinformáticos afecta la sostenibilidad de los análisis. Estas limitaciones se acentúan en contextos donde la capacitación depende de proyectos de corto plazo y no se integra de manera estructural en los sistemas nacionales de vigilancia.

Interpretación de hallazgos genómicos relevantes

Se constató la capacidad técnica para identificar marcadores genéticos asociados a patogenicidad, adaptación a mamíferos y resistencia antiviral. Sin embargo, persisten diferencias en los criterios utilizados para interpretar estos hallazgos y en la definición de su relevancia para la salud pública y la sanidad animal. La ausencia de criterios compartidos para el análisis de mutaciones de interés dificulta la comparación de resultados y la toma de decisiones coherente entre países y sectores.

Evaluación de riesgos

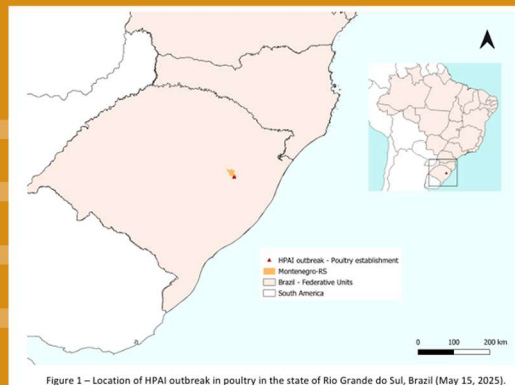
Se observó un uso aún limitado de la información genómica en los procesos formales de evaluación de riesgos zoonóticos. Si bien los datos genómicos aportan elementos clave para comprender la evolución viral y el potencial de adaptación, su integración en marcos de evaluación de riesgos intersectoriales no siempre está claramente definida. Esto reduce su impacto en la priorización de medidas de prevención, control y preparación.

Estos hallazgos evidencian que, si bien existe capacidad técnica para realizar análisis filogenéticos en la región, persisten brechas importantes en estandarización, infraestructura y recursos humanos que limitan el uso sistemático y oportuno de la bioinformática como herramienta de apoyo a la vigilancia genómica para la interpretación de los resultados y la toma de decisiones.

Ejemplo

Brasil - LFDA/MAPA: filogenia para decisiones sanitarias diferenciadas

Durante el brote de H5N1 en una granja comercial y en fauna en Rio Grande do Sul (mayo de 2025), Brasil aplicó análisis filogenético para orientar las medidas sanitarias. Secuencias obtenidas de focos en una granja de producción y en un zoológico permitieron determinar que, aunque existía similitud entre los virus circulantes, no había evidencia de transmisión directa entre focos, lo que respaldó decisiones diferenciadas, como el sacrificio sanitario en la granja y la clausura temporal del zoológico. Estos análisis se apoyaron en herramientas como SPAdes, IQ-TREE e iTOL y explicitaron cómo la genómica puede orientar decisiones de control proporcional y específicas.



Fuente: Rivetti, et al, Genomic diversity and reassortment of highly pathogenic avian influenza A/H5N1 virus (clade 2.3.4.4b) in Brazil: Evidence of multiple introductions and intra-epidemic reassortment in 2025, *Virology* 2026, <https://doi.org/10.1016/j.virol.2025.110751>.

<https://www.woah.org/app/uploads/2025/06/2025-06-brazil-hpai-selfd.pdf>

Ejemplo

Chile - ISP/SAG: workflows estandarizados

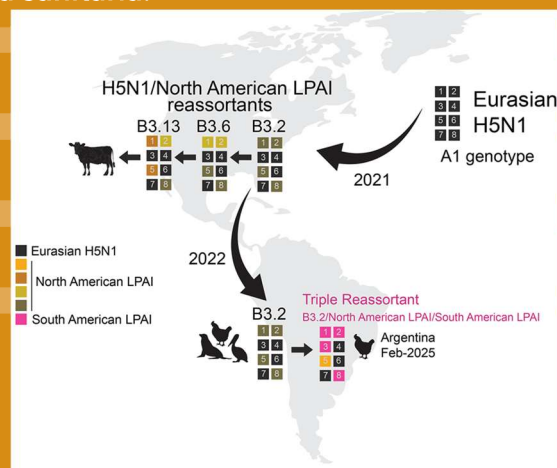
En Chile, el Instituto de Salud Pública (ISP) y el Servicio Agrícola y Ganadero (SAG) desarrollaron flujos estandarizados para análisis filogenético integrando herramientas como Nextstrain/Nextclade para seguimiento evolutivo de H5N1 y IRMA para control de calidad. Se ensayaron análisis complejos de infraestructura en la nube, utilizando paquetes como BEAST, con costos reducidos por proyecto, lo que facilitó análisis accesibles y replicables a nivel nacional durante los brotes. La estandarización de pipelines bioinformáticos y la adopción de soluciones en la nube apoyaron la calidad y eficiencia del análisis evolutivo en contextos de capacidad local variable.

Ejemplo

Argentina - Colaboración entre Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca, Ministerio de Salud y academia contribuye a fortalecer la caracterización genómica de brotes de influenza A(H5N1)

La colaboración entre el Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA) y la Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud "Dr. Carlos G. Malbrán" (ANLIS Malbrán), junto con la Universidad de California Davis (UC Davis) permitió fortalecer la caracterización genómica de un brote de influenza aviar altamente patógena en 2025 en la Provincia del Chaco. A partir de la detección inicial y el diagnóstico molecular realizados a nivel nacional por el SENASA, se estableció un acuerdo de cooperación con ANLIS Malbrán para la obtención del genoma viral completo, y la cooperación científica con UC Davis facilitó el análisis filogenético e interpretación de los focos detectados. Esta articulación técnica combinó la capacidad operativa a nivel nacional con experiencia internacional en evolución viral y salud de fauna silvestre.

Los resultados evidenciaron la presencia de un virus influenza A(H5N1) con un novedoso reagrupamiento triple, que combina segmentos genéticos provenientes de linajes euroasiáticos y de virus de baja patogenicidad circulantes en América del Sur y América del Norte. Asimismo, se identificaron mutaciones específicas en los genes de hemaglutinina (HA) y neuraminidasa (NA), incluyendo cambios en dominios asociados a la unión al receptor y otras regiones funcionales, cuyo impacto biológico deberá seguir siendo evaluado. Esta alianza permitió documentar la diversificación genética del virus, aportar evidencia clave para la vigilancia regional y reforzar la importancia de la cooperación entre el servicio veterinario oficial, la academia y el Ministerio de Salud (ANLIS Malbrán) en la detección temprana de variantes con potencial implicancia sanitaria.



Fuente: Novel Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus, Argentina, 2025 - Volume 31, Number 12—December 2025 - Emerging Infectious Diseases journal - CDC https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/31/12/25-0783_article

Recomendaciones

Adoptar pipelines para análisis filogenético

Elaborar pipelines estandarizados en la región para el análisis filogenético y bioinformático, con flujos de trabajo claros y criterios mínimos comunes. Esto facilitará la comparabilidad de los resultados entre los sectores animal, humano y ambiental, la reproducibilidad de los análisis y el trabajo colaborativo entre países.

Armonizar estándares de control de calidad

Definir métricas comunes para evaluar la calidad de las secuencias y de los análisis, incluyendo la cobertura, la profundidad, el manejo de datos incompletos y la validación de los resultados. La armonización es clave para garantizar la confiabilidad de los hallazgos utilizados en evaluaciones de riesgo.

Fortalecer la infraestructura bioinformática

Promover el acceso a servidores compartidos, soluciones en la nube y repositorios regionales que faciliten el almacenamiento seguro, el análisis colaborativo y la reutilización de datos y pipelines. Estas soluciones reducen dependencias locales y mejoran la eficiencia del análisis regional.

Invertir en capacitación y retención de talento

Implementar programas continuos de capacitación y mentoría en bioinformática y análisis filogenético, y promover el reconocimiento institucional de estos perfiles. La retención de personal especializado es fundamental para asegurar la sostenibilidad y la calidad de los análisis.

Definir criterios comunes para la interpretación de hallazgos genómicos

Desarrollar listas dinámicas de mutaciones de interés y criterios compartidos para evaluar su relevancia en términos de patogenicidad, adaptación a mamíferos y resistencia antiviral. Esto favorece interpretaciones coherentes entre países y sectores.

Integrar análisis filogenético en evaluación de riesgos

Se recomienda integrar de manera sistemática el análisis filogenético en los procesos formales de evaluación intersectorial de riesgos, asegurando que los hallazgos sobre linajes virales, eventos de reagrupamiento y mutaciones relevantes sean considerados como insumos estratégicos para la toma de decisiones. Para ello, es necesario establecer mecanismos claros de articulación entre los equipos de bioinformática y los responsables de evaluación de riesgos en los sectores de salud humana, sanidad animal y ambiente, promoviendo la interpretación conjunta de los datos genómicos en su contexto epidemiológico y ecológico. Esta integración permitirá fortalecer la priorización de acciones de vigilancia, prevención y control, y mejorar la preparación frente a escenarios emergentes.

Ejemplo

Ejemplo regional: fortalecimiento bioinformático a través de RESVIGEN

La Red Regional de Vigilancia Genómica de Virus Respiratorios (RESVIGEN) surgió de la expansión de la red de vigilancia genómica de COVID-19, creada en 2020 con el apoyo de la Organización Panamericana de la Salud. RESVIGEN integra a países con capacidad de secuenciación interna y a aquellos que requieren apoyo para enviar muestras a laboratorios de referencia regionales, que proporcionan servicios de secuenciación, apoyo técnico y fortalecimiento bioinformático.

La red ha facilitado la implementación de protocolos estandarizados de secuenciación, capacitaciones y acciones de apoyo para obtener datos genómicos de manera oportuna, además de promover la compartición de secuencias y metadatos a través de GISAID. Esto ayuda a mejorar la disponibilidad y calidad de la información genómica en las Américas. Gracias a este modelo colaborativo, se han reducido las brechas entre países, se han promovido mejores prácticas en el análisis y se ha monitoreado la evolución de virus respiratorios prioritarios en la región.



Fuente: OPS/OMS RESVIGEN <https://www.paho.org/es/temas/influenza-sars-cov-2-vsr-otros-virus-respiratorios/resvigen-red-regional-vigilancia-genomica>



Coordinación intersectorial y gestión de datos y de información

El capítulo “Coordinación intersectorial y gestión de datos y de información” se centra en los mecanismos institucionales, normativos y operativos que permiten que la vigilancia genómica de la influenza zoonótica funcione de manera integrada bajo el enfoque de Una Sola Salud. Su propósito es asegurar que los sectores de salud humana, sanidad animal y ambiente trabajen de forma articulada, con responsabilidades claramente definidas y procesos coordinados a lo largo de toda la cadena de vigilancia.

Este eje aborda cómo se organizan los actores involucrados para generar, analizar, compartir y utilizar la información genómica de manera oportuna y coherente. Incluye la definición de roles sectoriales, la existencia de mecanismos formales de coordinación, la institucionalización de puntos focales y la consolidación de espacios técnicos que permitan dar continuidad al trabajo más allá de las emergencias sanitarias. La gobernanza sólida es clave para evitar duplicaciones, vacíos operativos y retrasos en la toma de decisiones.

Asimismo, el eje analiza los procesos de intercambio y gestión de datos, incluyendo las plataformas utilizadas, los marcos legales que regulan la confidencialidad y la autoría, la interoperabilidad entre sistemas y la estandarización de metadatos. El objetivo final es garantizar que la información genómica se integre con datos epidemiológicos y ambientales, convirtiéndose en evidencia accionable para apoyar la evaluación intersectorial de riesgos y fortalecer la preparación regional frente a la influenza zoonótica.

Hallazgos principales

Roles y responsabilidades sectoriales

Es fundamental clarificar y formalizar los roles y responsabilidades de los sectores de salud humana, sanidad animal y ambiente a lo largo de toda la cadena de vigilancia genómica, desde la detección del evento y la toma de muestras hasta el análisis, interpretación y utilización de los resultados. También se detectó la importancia de clarificar con mayor precisión los roles de los laboratorios oficiales, el sector académico y las redes internacionales, abordando temas como la autoría, el acceso a los datos y su utilización en la secuenciación y la publicación científica.

La falta de estrategias nacionales claras que establezcan cuándo y cómo realizar la secuenciación, qué plataformas priorizar según los diferentes objetivos y cómo vincular los resultados genómicos con las acciones de vigilancia epidemiológica contribuye a generar duplicaciones, vacíos operativos y retrasos en la toma de decisiones. En este sentido, resulta esencial contar con marcos institucionales que reconozcan la vigilancia genómica como una responsabilidad compartida y la integren en los sistemas nacionales de vigilancia.

Mecanismos de coordinación

En los países, existen diferentes mecanismos formales e informales de coordinación, como comités interministeriales, mesas técnicas y grupos de trabajo que se activan durante los brotes. Estos mecanismos demuestran mayor eficacia cuando cuentan con mandatos claros, flujos de información definidos y canales de comunicación regulares entre los sectores involucrados. No obstante, persisten brechas en la coordinación durante períodos interpandémicos o de “tiempos de paz”.

Sostenibilidad de la coordinación

La sostenibilidad de la coordinación intersectorial continúa siendo un desafío. Las capacidades y mecanismos implementados durante emergencias sanitarias no siempre se mantienen a largo plazo, lo que provoca ciclos de fortalecimiento y debilitamiento de las instituciones. Factores como la rotación de personal, la falta de financiamiento estable y la ausencia de mandatos formales afectan la continuidad del trabajo conjunto.

En consecuencia, resulta prioritario avanzar hacia un marco de gobernanza institucional sostenible, con puntos focales designados, responsabilidades claramente definidas y agendas de trabajo estructuradas.

Comunicación del riesgo y apoyo a decisores

Persisten brechas en la comunicación de los hallazgos genómicos a los tomadores de decisiones. La complejidad técnica de la información y la falta de productos adaptados dificultan su comprensión y uso en la toma de decisiones. La ausencia de informes integrados y de mensajes claros y consensuados entre sectores puede dar lugar a interpretaciones inconsistentes o a un uso limitado de la evidencia genómica para apoyar la respuesta.

Plataformas de intercambio de datos genómicos

Se observó un uso extendido de plataformas globales para el depósito y la consulta de secuencias genómicas, como GISAID y GenBank; sin embargo, su utilización varía entre países y sectores. En algunos contextos, el intercambio de datos se realiza de manera fragmentada o con retrasos, lo que limita la posibilidad de realizar análisis comparativos oportunos y de generar productos regionales integrados. La falta de mecanismos complementarios a nivel nacional o regional dificulta, además, el acceso rápido a información relevante para la respuesta.

Marcos legales, confidencialidad y autoría

Persisten barreras legales y normativas que condicionan el intercambio de datos genómicos, especialmente en lo relativo a la confidencialidad, la protección de información sensible, el reconocimiento de la autoría y los retrasos en compartir información entre los sectores por la publicación de los datos en artículos científicos. Las preocupaciones asociadas a posibles impactos económicos o comerciales, así como la ausencia de acuerdos formales entre instituciones y sectores, generan reticencias para compartir datos de manera oportuna y transparente.

Flujos de información intersectoriales

Los flujos de información entre los sectores de salud humana, sanidad animal y ambiente no están sistematizados de forma homogénea. En muchos países, el intercambio intersectorial se intensifica durante emergencias, pero disminuye en períodos de "tiempos de paz". Esta falta de flujos regulares limita la integración de la información genómica con la vigilancia epidemiológica y ambiental, y reduce su utilidad para la evaluación de riesgos.

Integración con vigilancia epidemiológica y ambiental

La integración de los datos genómicos con la vigilancia epidemiológica y ambiental no se realiza de manera sistemática. En muchos contextos, la información genómica se analiza de forma aislada, sin una vinculación clara con datos de campo, antecedentes epidemiológicos o información ambiental. Esta fragmentación limita la capacidad de interpretar los hallazgos en su contexto y de utilizar la genómica para orientar acciones de vigilancia basada en el riesgo.

Interoperabilidad y estandarización de metadatos

Se identificaron brechas importantes en la estandarización de metadatos y en la interoperabilidad entre sistemas. La ausencia de formatos comunes, campos mínimos obligatorios y criterios armonizados dificulta la vinculación de los datos genómicos con información epidemiológica, clínica y ambiental. Estas limitaciones afectan la calidad del análisis integrado y restringen el uso efectivo de la información genómica para apoyar decisiones intersectoriales.

La coordinación intersectorial se activa principalmente en emergencias, cuando las urgencias sanitarias requieren respuestas rápidas y el uso de datos genómicos, pero sin continuidad a largo plazo. Esto se debe a asimetrías regionales en instituciones, condicionadas por normativas, recursos, estabilidad del personal y experiencia en Una Sola Salud. Aunque hay plataformas y experiencias en intercambio de datos genómicos en la región, persisten desafíos legales, de flujo y estandarización, limitando la vigilancia genómica.

Recomendaciones

Institucionalizar la coordinación intersectorial

Avanzar hacia la formalización de la vigilancia genómica como una función permanente de los sistemas nacionales de vigilancia, integrada explícitamente en los marcos institucionales de salud humana, sanidad animal y ambiente. Esto incluye definir responsabilidades, flujos de trabajo y mecanismos de coordinación que no dependan exclusivamente de la activación por emergencias, asegurando la continuidad y la coherencia en el uso de la información genómica para la evaluación de riesgos y la respuesta.

Definir y formalizar roles y responsabilidades sectoriales

Establecer de manera explícita las responsabilidades de cada sector a lo largo de toda la cadena de vigilancia genómica, incluyendo detección de eventos, toma y envío de muestras, análisis, interpretación y uso de resultados. Esta definición debe contemplar la interacción con laboratorios académicos y de referencia internacionales, así como los mecanismos de toma de decisiones, para reducir duplicaciones, vacíos operativos y retrasos en la respuesta.

Designar puntos focales y grupos técnicos intersectoriales

Establecer grupos técnicos nacionales especializados que apoyen el análisis, la interpretación y el uso de los datos genómicos, favoreciendo la continuidad del trabajo y reduciendo el impacto de la rotación de personal.

Desarrollar productos de comunicación del riesgo

Traducir los hallazgos genómicos en informes claros, concisos y orientados a la acción, adaptados a distintos niveles de los tomadores de decisiones. Una comunicación efectiva maximiza el impacto de la vigilancia genómica en la respuesta sanitaria.

Establecer marcos legales y acuerdos interinstitucionales permanentes

Desarrollar acuerdos formales que regulen el intercambio de datos genómicos y metadatos de manera clara y previsible, tanto en tiempos de paz como de emergencia. Estos marcos deben alinearse con principios de Una Sola Salud y con compromisos regionales e internacionales.

Definir reglas claras sobre confidencialidad, acceso y autoría

Establecer criterios transparentes que protejan información sensible, incluyendo condiciones de acceso, confidencialidad, uso de la información y reconocimiento de autoría, y que fomenten la confianza entre sectores e instituciones. Esto reduce las reticencias y facilita la transparencia y el intercambio oportuno de datos.

Sistematizar los flujos de información intersectoriales

Integrar la información genómica en los flujos regulares de vigilancia epidemiológica y ambiental. La sistematización mejora la continuidad y el uso estratégico de los datos.

Integrar la información genómica con otras fuentes de vigilancia

Asegurar que los datos genómicos se analicen junto con información epidemiológica y ambiental, orientando la vigilancia basada en el riesgo y la focalización de acciones de control y prevención. Además, los resultados de los análisis genómicos y filogenéticos deben utilizarse para generar productos técnicos claros y orientados a la acción.

Estandarizar metadatos y formatos de intercambio

Definir conjuntos mínimos de metadatos y formatos comunes que permitan vincular datos genómicos con información epidemiológica, clínica y ambiental entre sistemas de los distintos sectores. Esto facilita el análisis integrado, la generación de productos útiles para la toma de decisiones y los análisis regionales comparables.

Ejemplo

Chile - Sistema de Alerta Local Integrado (evento H5N1)

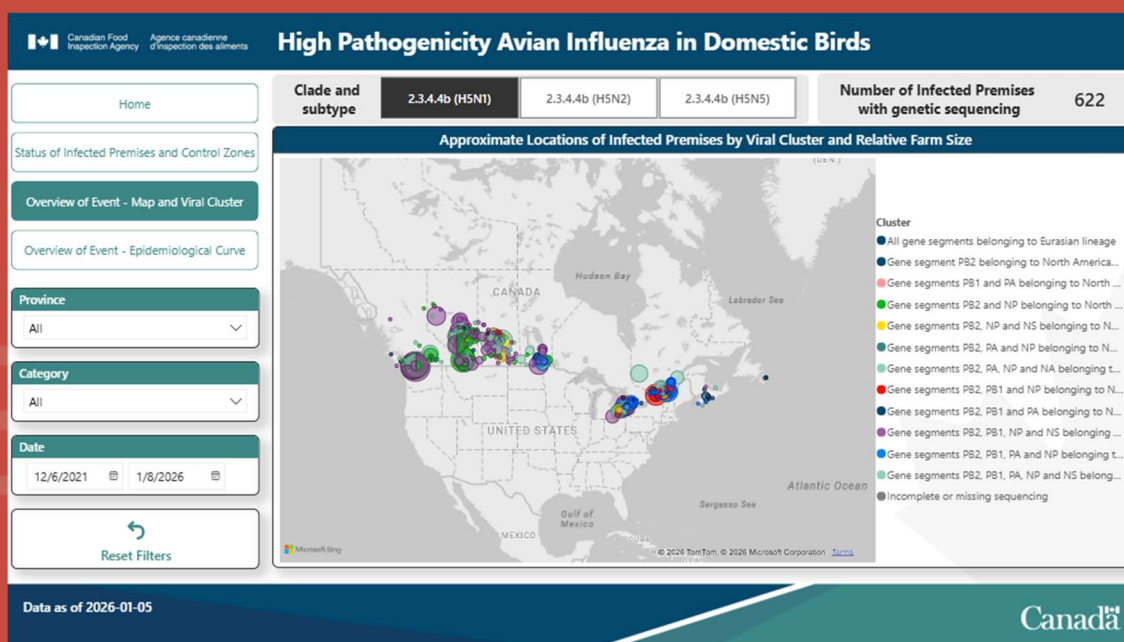
Durante la emergencia de H5N1 en Chile, se implementó un sistema temporal de alerta integrado que combinó datos genómicos, epidemiológicos y geográficos para apoyar decisiones locales, incluidas acciones preventivas como cierres de escuelas y ajustes en vigilancia comunitaria. Este modelo demostró cómo la integración de diferentes fuentes de datos puede traducirse en información útil para autoridades locales en tiempo real. La experiencia resalta la necesidad de institucionalizar estos sistemas para asegurar su sostenibilidad más allá de emergencias puntuales.

Fuente: <https://www.sag.gob.cl/ambitos-de-accion/influenza-aviar-ia>

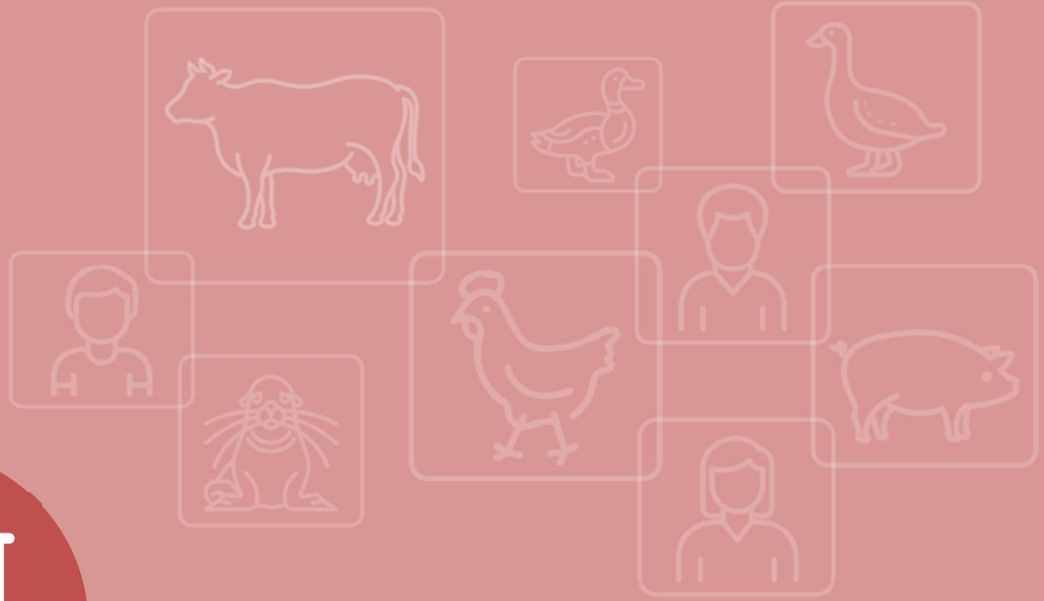
Ejemplo

Canadá - Tableros nacionales integrados (CFIA / ECCC / CWHC)

Canadá mantiene tableros interactivos públicos que integran datos de influenza aviar en aves domésticas y fauna silvestre, facilitando la visualización en tiempo casi real de brotes, patrones geográficos y datos epidemiológicos y de secuenciación que respaldan decisiones operativas en sanidad animal y salud pública. Estos paneles apoyan la identificación de linajes y eventos de reagrupamiento, con resultados compartidos entre las autoridades federales y provinciales. El uso de estos tableros demuestra la integración de datos operativos y su vinculación con la vigilancia genómica en el contexto de la respuesta nacional.



Fuente: <https://inspection.canada.ca/en/animal-health/terrestrial-animals/diseases/reportable/avian-influenza/latest-bird-flu-situation/hpai-dashboards>



Conclusiones

La vigilancia genómica de la influenza zoonótica se ha consolidado como un componente estratégico para la preparación y respuesta frente a amenazas emergentes en la Región de las Américas. Las discusiones y análisis realizados en el marco de la reunión de expertos de CIPCIZA muestran que la región dispone de capacidades técnicas relevantes, fortalecidas en los últimos años, que permiten generar información genómica valiosa para el monitoreo de la evolución viral y la evaluación del riesgo zoonótico. Sin embargo, el aprovechamiento pleno de estas capacidades continúa condicionado por brechas estructurales y operativas que requieren atención sostenida.

Uno de los principales desafíos identificados se relaciona con la necesidad de fortalecer la coordinación intersectorial bajo el enfoque de Una Sola Salud. La experiencia reciente demuestra que la articulación entre los sectores de salud humana, sanidad animal y ambiente se activa principalmente en contextos de emergencia, mientras que en períodos de “tiempos de paz” persisten limitaciones en la formalización de roles, los flujos de información y la sostenibilidad de los mecanismos de coordinación. Avanzar hacia arreglos institucionales permanentes resulta clave para asegurar la continuidad y el uso oportuno de la vigilancia genómica.

Además, se evidencian desigualdades considerables entre sectores y países en las capacidades de secuenciación, análisis filogenético y bioinformática, así como limitaciones en la infraestructura, el financiamiento y los recursos humanos especializados. Estas brechas afectan la comparabilidad de los resultados, la oportunidad del análisis y la posibilidad de generar productos regionales integrados. En este contexto, la estandarización de procesos, el fortalecimiento de la cooperación regional y la inversión en capacidades humanas emergen como prioridades estratégicas.

Finalmente, las conclusiones destacan que el valor de la vigilancia genómica reside en su capacidad de traducirse en información accionable para la toma de decisiones. Para ello, resulta fundamental integrar los datos genómicos con la vigilancia epidemiológica y ambiental, incorporarlos de manera sistemática en la evaluación intersectorial de riesgos y fortalecer la comunicación del riesgo a los tomadores de decisiones. CIPCIZA se posiciona como un mecanismo clave para articular estos esfuerzos, dar seguimiento a las recomendaciones y contribuir a una respuesta regional más coherente, sostenible y basada en evidencia frente a la amenaza persistente de la influenza zoonótica en las Américas.



Anexos

- Anexo 1 | Nota conceptual
- Anexo 2 | Agenda
- Anexo 3 | Métodos de la reunión
- Anexo 4 | Participantes
- Anexo 5 | Referencias clave
- Anexo 6 | Reunión Satélite

Anexo 1 | Nota conceptual



Comisión Intersectorial Técnica para la Prevención y el Control de la Influenza Zoonótica en las Américas (CIPCIZA)

Reunión de Expertos del Grupos de Trabajo Técnico Intersectorial
Representación de la Organización Panamericana de la Salud - Brasilia, Brasil
6 y 7 de noviembre de 2025

Antecedentes

La circulación sostenida del virus de influenza aviar altamente patógeno A(H5N1) en las Américas, junto con la detección de grupos genéticos de virus influenza zoonóticos con marcadores de interés, ha puesto de manifiesto la urgencia de fortalecer los sistemas de vigilancia, preparación y respuesta en la región. Casos recientes en la Región y otras regiones del mundo han evidenciado resistencia antiviral, mejor capacidad de adaptación a mamíferos y potencial zoonótico elevado de los virus detectados.

En este contexto, la Comisión Intersectorial Técnica para la Prevención y el Control de la Influenza Zoonótica en las Américas (CIPCIZA), liderada por la Organización Panamericana de la Salud (OPS), se consolida como una plataforma clave para fomentar la coordinación intersectorial bajo el enfoque de "Una Sola Salud". En seguimiento a este compromiso, se propone la realización de una reunión de expertos en noviembre de 2025 para revisar y dar continuidad a las actividades de los grupos de trabajo de CIPCIZA orientados a avanzar en la vigilancia genómica de virus influenza con potencial pandémico.

Propuesta de composición

El grupo de trabajo estará integrado por expertos con trayectoria comprobada en salud pública, sanidad animal y medio ambiente, con una experiencia mínima de 10 años, incluyendo representantes de laboratorios nacionales de referencia, instituciones de vigilancia epidemiológica, autoridades sanitarias, agropecuarias y medio ambiente. Además, podrán contar con observadores y expertos adicionales, según se requiera, como centros académicos, organismos internacionales y socios estratégicos.

Objetivo General

Fortalecer las capacidades técnicas, operativas y de coordinación intersectorial en los países miembros de CIPCIZA para mejorar la vigilancia, la detección temprana, la evaluación de riesgos, la notificación oportuna y la respuesta eficaz ante amenazas zoonóticas con potencial pandémico, mediante el uso de herramientas de análisis del genoma viral, el intercambio de información epidemiológica, clínica y virológica intersectoriales, y la implementación de estrategias conjuntas bajo el enfoque de "Una Sola Salud".

525 23rd St. NW
Washington, DC 20037

www.paho.org

PAHO-WHO
OPSOMS
OPSPAHO
PAHOTV

Grupo de trabajo: Vigilancia Genómica de Virus Influenza con Potencial Pandémico

El objetivo es fortalecer la capacidad regional para la detección temprana, caracterización y monitoreo de virus de influenza zoonótica mediante el uso sistemático de herramientas de análisis, en el contexto de la estrategia Regional de vigilancia genómica de OPS y como parte de RESVIGEN y la red PAHOgen, promoviendo su integración en los sistemas nacionales y regionales de alerta temprana, evaluación de riesgos y respuesta intersectorial.

Durante este grupo de trabajo se busca promover la implementación de la vigilancia genómica como componente esencial de la vigilancia intersectorial; facilitar el intercambio oportuno y seguro de datos genéticos y metadatos entre sectores; identificar capacidades y brechas en infraestructura, formación y análisis bioinformático; desarrollar lineamientos técnicos y buenas prácticas; y proponer mecanismos para el análisis conjunto de datos.

Objetivos Específicos

- Promover la implementación de la vigilancia genómica como componente esencial de los sistemas de vigilancia intersectorial.
- Facilitar el intercambio oportuno y seguro de datos genéticos y metadatos entre los sectores humano, animal y ambiental.
- Identificar capacidades existentes y brechas en infraestructura, equipamiento, formación técnica y análisis bioinformático en los países miembros.
- Desarrollar lineamientos técnicos y buenas prácticas para la integración de la vigilancia genómica en los protocolos nacionales y regionales.
- Proponer mecanismos para el análisis conjunto de datos genómicos y su uso en la evaluación de riesgos y toma de decisiones

Producto Esperado

- Informe técnico con las recomendaciones de los expertos sobre vigilancia genómica intersectorial en influenza zoonótica.

Conclusión

La continuación de los Grupos de Trabajo representa un paso estratégico para consolidar la acción intersectorial frente a los desafíos emergentes de la influenza zoonótica en las Américas. En un contexto de creciente complejidad epidemiológica, marcado por la aparición de grupos genéticos con potencial zoonótico y resistencia antiviral, es imperativo contar con mecanismos técnicos sólidos que integren la evidencia científica, la cooperación regional y la articulación entre sectores.

Estos grupos no solo permitirán generar recomendaciones basadas en evidencia, sino que también fortalecerán las capacidades nacionales y regionales para anticipar, detectar y responder de manera oportuna a eventos de salud pública en la interfaz humano-animal-ambiente. Su trabajo será clave para avanzar hacia sistemas de vigilancia más integrados, respuestas más coordinadas y una región más preparada frente a futuras amenazas pandémicas, en línea con los principios del enfoque "Una Sola Salud".



OPS

Agenda

Día 1 – Jueves 6 de Noviembre

08:30 – 09:00 Registro y bienvenida

Apertura oficial

- 09:00 – 09:15
- Andrea Vicari - IHM/PHE/PAHO
 - Manuel Sanchez - PANAFTOSA/CDE/PAHO
 - Alexander Rosewell – OPS BRA

Bloque 1 – Moderador: Andrea Vicari

Auditorio Cartyle Guerra

09:15 – 09:30 Presentación general de CIPCIZA y los objetivos de la reunión

Manuel Sanchez - PANAFTOSA/CDE/OPS

09:30 – 9:45 Estado actual de la influenza zoonótica en la región

Angel Rodriguez - IHM/PHE/OPS

9:45 – 10:00 Vigilancia genómica de influenza aviar: avances y retos en las Américas

Jairo Mendez - IHM/PHE/OPS

10:00 – 10:20 Pausa para café y foto del grupo

10:20 – 10:40 Contribuciones del CC de la OMS para estudios sobre la ecología de la influenza en animales a la vigilancia genómica de la influenza

Richard Webby – CC-OMS

10:40 – 11:00 Contribuciones de OFFLU en vigilancia genómica de la influenza en animales

Lorcan Carnegie - OFFLU

Lecciones aprendidas

Moderadores: Angel Rodriguez and Manuel Sanchez

Auditorio Cartyle Guerra

Experiencias países (10" cada + 20" discusión)

- 11:00 – 12:00
- ARG
 - BRA
 - BOL
 - MEX

12:00 – 13:00 Almuerzo

525 23rd St. NW
Washington, DC 20037

www.paho.org

PAHO-WHO
OPSOMS
OPSPAHO
PAHOTV

Bloque 2 – Trabajo en grupo: Vigilancia Genómica de Virus Influenza con Potencial Pandémico

Facilitadores: Manuel Sanchez, Angel Rodriguez, Jairo Mendez, Juliana Leite, Lia Buzanovsky, Daniel Magalhães, Marisol Valenzuela, Maria Fernanda Olivares

13:00 – 15:00	Discusión en grupos	
15:00 – 15:20	<i>Pausa para café</i>	Sala: Izabel dos Santos
15:20 – 17:00	Continuación de la discusión en grupos	
17:00 – 17:30	Cierre del día y resumen de acuerdos	Auditorio Carlyle Guerra
19:00 – 21:00	<i>Evento de networking</i>	Restaurante del Hotel Kubitschek Plaza

Día 2 – Viernes 7 de Noviembre

08:00 – 08:30 **Llegada y registro de los participantes**

Bloque 2 – Trabajo en grupo: Vigilancia Genómica de Virus Influenza con Potencial Pandémico

Facilitadores: Jairo Mendez, Juliana Leite, Daniel Magalhães, Maria Fernanda Olivares

	Discusión en grupos	
08:30 – 10:00	<i>Identificar un ejemplo exitoso Formular las recomendaciones</i>	
10:00 – 10:20	<i>Pausa para café</i>	Sala: Izabel dos Santos
	Continuación de la discusión en grupos	
10:20 – 12:00	<i>Preparar la presentación Validar las recomendaciones</i>	
12:00 – 13:00	<i>Almuerzo</i>	

Bloque 3 – Moderadores: Angel Rodriguez y Manuel Sanchez **Auditorio Carlyle Guerra**

13:00 – 15:00	Presentación de los resultados en plenaria <i>30' para cada grupo (incluyendo discusión)</i>
15:00 – 15:20	<i>Pausa para café</i>
15:20 – 17:00	Discusión de las recomendaciones, acciones y planes de trabajo
17:00 – 17:30	Consideraciones finales y cierre oficial

Anexo 3 | Métodos de la reunión

Estructura de trabajo

La reunión del Grupo de Trabajo de Vigilancia Genómica de Virus Influenza con Potencial Pandémico de la CIPCIZA se desarrolló los días 6 y 7 de noviembre de 2025, en Brasilia, Brasil, bajo la coordinación de la OPS. La actividad fue diseñada como un ejercicio técnico participativo, con enfoque intersectorial y bajo el marco de Una Sola Salud. El encuentro reunió a representantes de redes de laboratorio, instituciones de referencia y organismos internacionales, de los sectores de salud humana, sanidad animal, con el objetivo de consolidar un marco operativo para la cooperación técnica, la estandarización de procesos y la integración de la información entre sectores.

La metodología se basó en el trabajo en grupos temáticos, estructurados mediante fichas de trabajo estandarizadas previamente desarrolladas para orientar y documentar las discusiones técnicas. Se conformaron cuatro grupos, cada uno con un objetivo específico: Secuenciación Genética, Análisis Filogenético, Colaboración e Intercambio de Información y Aplicaciones Clave de la Vigilancia Genómica.

Grupo	Objetivo
Secuenciación genética	Analizar las capacidades, los métodos y las condiciones de bioseguridad para la secuenciación de virus influenza zoonóticos en la región.
Análisis filogenético	Revisar métodos, herramientas y capacidades bioinformáticas para el análisis genético y filogenético de los virus influenza zoonóticos.
Colaboración e intercambio de información	Identificar mecanismos eficaces y éticos para el intercambio de datos genéticos, epidemiológicos y clínicos entre sectores y países.
Aplicaciones clave de la vigilancia genómica	Definir cómo la vigilancia genómica apoya la detección temprana, el monitoreo de la evolución viral y la evaluación de riesgos zoonóticos.

Cada grupo contó con facilitadores designados y con la selección de dos relatores, responsables de sistematizar los aportes técnicos y de registrar el análisis de fortalezas, debilidades, oportunidades y amenazas mediante la metodología SWOT.

Durante el primer día, los facilitadores presentaron los objetivos, el alcance y la dinámica de trabajo de cada grupo. Las discusiones se desarrollaron de forma guiada, utilizando preguntas orientadoras específicas para cada eje temático, previamente definidas y consensuadas. Estas preguntas permitieron abordar de manera estructurada aspectos relacionados con capacidades técnicas, metodologías, flujos de información, interoperabilidad, el uso de datos genómicos para la toma de decisiones y las necesidades de fortalecimiento intersectorial. Los relatores documentaron en las fichas correspondientes los principales temas discutidos, los hallazgos clave y los puntos destacados.

Como parte central de la metodología, cada grupo realizó un análisis SWOT para identificar brechas y oportunidades a nivel regional, considerando factores internos y externos que influyen en la vigilancia genómica de la influenza zoonótica. Asimismo, se promovió la identificación de ejemplos concretos de experiencias nacionales o intersectoriales existentes en la región, con el fin de ilustrar buenas prácticas, desafíos operativos y lecciones aprendidas aplicables a otros contextos.

En el segundo día, los grupos consolidaron los resultados de las discusiones, profundizaron en los ejemplos seleccionados y elaboraron entre tres y cinco recomendaciones técnicas prioritarias por grupo. Las recomendaciones fueron formuladas con un enfoque práctico, intersectorial y orientado a fortalecer la cooperación regional, e incluyeron una priorización consensuada en términos de baja, media o alta. Posteriormente, cada grupo validó internamente sus conclusiones y preparó una presentación para la sesión plenaria.

Finalmente, los resultados fueron presentados y discutidos en plenaria, con espacios dedicados al intercambio entre los grupos, la retroalimentación colectiva. Este proceso permitió asegurar la coherencia técnica de los productos generados y su alineación con los objetivos estratégicos de la CIPCIZA en materia de vigilancia genómica y preparación frente a la influenza zoonótica en la Región de las Américas.

Objetivos de la Reunión

El objetivo del grupo de trabajo en vigilancia genómica de virus influenza con potencial pandémico es fortalecer la capacidad regional para detectar y monitorear virus zoonóticos de influenza mediante herramientas de análisis del genoma viral y el intercambio intersectorial de información epidemiológica, clínica y virológica, apoyando la alerta temprana y la respuesta coordinada bajo el enfoque de Una Sola Salud.

Objetivos Específicos

- Promover la implementación de la vigilancia genómica como componente esencial de los sistemas de vigilancia intersectorial.
- Facilitar el intercambio oportuno y seguro de datos genéticos y metadatos entre los sectores humano, animal y ambiental.
- Identificar capacidades existentes y brechas en infraestructura, equipamiento, formación técnica y análisis bioinformático en los países miembros.
- Desarrollar lineamientos técnicos y buenas prácticas para la integración de la vigilancia genómica en los protocolos nacionales y regionales.
- Proponer mecanismos para el análisis conjunto de datos genómicos y su uso en la evaluación de riesgos y en la toma de decisiones.

Participantes

La reunión se desarrolló como una actividad colaborativa que reunió a expertos de distintos países, junto con representantes de organizaciones internacionales y redes técnicas especializadas. Participaron la Organización Mundial de la Salud (OMS), la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), el Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA), la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA) y el Organismo Internacional Regional de Sanidad Agropecuaria (OIRSA), así como centros colaboradores y laboratorios de referencia, como el Centro Colaborador de la OMS para estudios sobre la ecología de la influenza en animales (St. Jude Children's Research Hospital) y el laboratorio de referencia de influenza aviar de la OMSA en Campinas, Brasil.

Anexo 4 | Participantes

País	Participante	Organización
Uruguay	Alejandra Suanes	DILAVE - MGAP
Panamá	Alexander Martinez	GORGAS
Ecuador	Alfredo Bruno Caicedo	INSPI
Brasil	Ana Laura Grazziotin	MAPA
Brasil	Anselmo Rivetti	LFDA-MG/MAPA
Canada	Camille Dulong	
Colombia	Claudia Parra	
Costa Rica	Claudio Soto Garita	CNRV - INCIENSA
Bolivia	Cristian Marcelo Montero Vallejo	UNALAB - SENASAG
Brasil	Daniela Pacheco de Lacerda	MAPA
Brasil	Dilmara Reischak	LFDA-SP/MAPA
Paraguay	Elena Penayo	
Brasil	Fernando Motta	LVRE - Fiocruz
Chile	Franco Vega	SAG
Brasil	Iassudara G. de Almeida	PANAFTOSA/CDE/OPS
Bahamas	Indira Martin	National Reference Laboratory
Brasil	Jaqueline Oliveira	OPS
México	Juan Diego Pérez	SENASICA
United Kingdom	Lorcan Carnegie	OFFLU/FAO
Switzerland	Magdi Samaan	GIP/OMS
Brasil	Marcelo Gomes	Ministerio da Saúde
México	Marisol Karina Rocha Martinez	SENASICA
Canada	Nathalie Bastien	National Microbiology Laboratory
Canada	Peter Buck	National Public Health Agency
Brasil	Priscila Leal	Ministerio da Saúde
Argentina	Ralph Eric Vanstreels	One Health Institute UC Davis
EE. UU.	Richard Webby	St Jude CC-OMS
Chile	Rodrigo Fasce	ISP
Bolivia	Roxana Loayza	CENETROP
	Andrea Vicari	IHM/PHE
	Angel Rodriguez	IHM/PHE
	Daniel Magalhães	PANAFTOSA/CDE
	Gabriela Segura	IHM/PHE
	Jairo Méndez Rico	IHM/PHE
	Juliana Leite	IHM/PHE
	Lia Puppim Buzanovsky	PANAFTOSA/CDE
	Manuel Sanchez	PANAFTOSA/CDE
	Maria Fernanda Olivares	IHM/PHE
	Marisol Valenzuela	IHM/PHE
	Paula Couto	IHM/PHE/OPS
	Priscila Born	IHM/PHE/OPS

Anexo 5 | Referencias clave

1. Redes regionales de vigilancia genómica de la OPS (PAHOGen): <https://www.paho.org/es/pahogen>
2. Resolución CSP30.R9 Estrategia de Vigilancia Genómica Regional para la Preparación y Respuesta a Epidemias y Pandemias. Septiembre de 2022. Disponible en: <https://www.paho.org/es/documentos/resolucion-csp30r9-estrategia-vigilancia-genomica-regional-para-preparacion-respuesta>
3. Resolución CD59.R4 - Una Salud: un enfoque integral para abordar las amenazas para la salud en la interfaz entre los seres humanos, los animales y el medioambiente. Septiembre de 2021. Disponible en: <https://www.paho.org/es/documentos/cd59r4-salud-enfoque-integral-para-abordar-amenazas-para-salud-interfaz-entre-seres>
4. OPS/OMS. La gripe en la interfaz humano-animal. Recomendaciones de la OPS para fortalecer el trabajo intersectorial en la vigilancia, la detección temprana y la investigación, 9 de julio del 2020. Disponible en: <https://iris.paho.org/items/0b2fe5e9-9191-45eb-8bea-1f2c4d4ec430>
5. OPS/OMS. Fortalecimiento del trabajo intersectorial para la influenza en la interfaz Humano-Animal en la Región de las Américas: Preguntas y Respuestas Técnicas. Mayo de 2023. Disponible en: <https://www.paho.org/en/documents/strengthening-intersectoral-work-influenza-human-animal-interface-region-americas> (inglés)
6. Evaluaciones de riesgo y resúmenes de la influenza en la interfaz humano-animal: <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/monthly-risk-assessment-summary> (inglés)
7. OPS/OMS. Llamado a la acción para establecer la Comisión Intersectorial para la Prevención y el Control de la Influenza Zoonótica en las Américas. Disponible en: <https://www.paho.org/es/noticias/26-3-2024-llamado-accion-para-establecer-comision-intersectorial-para-prevencion-control>
8. Definiciones de casos para enfermedades que requieren notificación bajo el RSI (2005). Disponible en: [https://www.who.int/publications/m/item/case-definitions-for-the-four-diseases-requiring-notification-to-who-in-all-circumstances-under-the-ihp-\(2005\)](https://www.who.int/publications/m/item/case-definitions-for-the-four-diseases-requiring-notification-to-who-in-all-circumstances-under-the-ihp-(2005)) (inglés)
9. Reglamento sanitario internacional (2005) - 3.ª ed. 1 de enero de 2016. Disponible en: <https://www.who.int/es/publications/i/item/9789241580496>
10. Términos de referencia para los Centros Nacionales de Influenza del Sistema Global de Vigilancia y Respuesta a la Influenza. Disponible en: https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/national-influenza-centers-files/nic_tor_en.pdf?sfvrsn=93513e78_30 (inglés)
11. Protocolo de estudio de la gripe no estacional y otras afecciones respiratorias agudas emergentes. Disponible en: <https://iris.who.int/items/86ac1df2-8d77-44ca-8953-dc82459827cc>
12. Guías de práctica clínica para la influenza. Disponible en: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240097759>

Anexo 6 | Reunión Satélite

Dominio 1 expandido del marco Mosaico: Vigilancia colaborativa para abordar patógenos respiratorios en animales de interés para la salud pública humana

Reunión Satélite - 7 de noviembre de 2025

Comisión Intersectorial para la Prevención y Control de la Influenza Zoonótica en las Américas (CIPCIZA)

Contexto

Los patógenos respiratorios, como los virus de la influenza y los coronavirus, representan un riesgo persistente para la salud pública global debido a su capacidad de emerger en poblaciones animales y cruzar la barrera de especie hacia los humanos. Este riesgo se ve amplificado por el contacto estrecho entre humanos y animales en diversos contextos, como en los sistemas productivos comerciales, de traspatio y en la vida silvestre.

La experiencia reciente con influenza aviar altamente patógena A(H5N1), así como la expansión de su rango de hospedadores hacia mamíferos silvestres y domésticos, ha puesto de manifiesto la necesidad de continuar avanzando hacia enfoques intersectoriales que permitan identificar señales tempranas en la interfaz humano-animal-ambiente y apoyar la toma de decisiones en salud pública. Sin embargo, en muchos países de las Américas, la vigilancia basada en eventos (VBE) continúa centrada predominantemente en el sector de salud humana, lo que pone de relieve la oportunidad de avanzar hacia una integración más sistemática de información proveniente del sector de sanidad animal y medio ambiente.

Desde una perspectiva de salud pública, es fundamental avanzar hacia un lenguaje y una comprensión en común de los objetivos y de las estrategias de vigilancia existentes en los distintos sectores, como base para fortalecer su articulación en la detección de patógenos respiratorios zoonóticos. Esto permitirá aprovechar de manera más sistemática las señales tempranas generadas en el sector animal y medio ambiente en el marco de la VBE, así como identificar y fortalecer los mecanismos de comunicación e intercambio de información necesarios para apoyar la detección y la alerta temprana y contribuir a la prevención de futuras pandemias respiratorias.

Antecedentes

La Organización Mundial de la Salud (OMS) ha desarrollado el marco Mosaico para la Vigilancia de Virus Respiratorios como un enfoque estructurado que ilustra cómo múltiples sistemas integrados de vigilancia para la detección y el monitoreo de virus respiratorios en humanos se articulan entre sí, como los azulejos de un mosaico, para cumplir objetivos prioritarios de vigilancia. El Marco Mosaico se organiza en tres dominios de vigilancia: detección y alerta temprana (Dominio I), monitoreo continuo (Dominio II) e información para la acción en salud pública (Dominio III).

Si bien el marco Mosaico reconoce la importancia del enfoque Una Salud, la vinculación operativa entre los objetivos de vigilancia de los virus respiratorios zoonóticos en animales y los sistemas de vigilancia humana ha sido históricamente limitada, aunque se ha fortalecido en los últimos años. En este marco, la OPS/OMS, a través de la CIPCIZA, ha promovido la discusión de la ampliación del Dominio 1 del marco Mosaico, para fortalecer la vigilancia basada en eventos en los sectores animal y medio ambiente, y para integrarlos de manera más explícita en los objetivos de detección temprana de virus respiratorios, evaluación rápida de riesgos y alerta temprana para la salud pública.

La reunión satélite realizada de manera híbrida el 7 de noviembre de 2025, contó con la participación de expertos en la metodología Mosaico de la OMS, expertos de la Organización Mundial de Salud Animal (OMSA), de la OPS (PHE y PANAFTOSA) y de los Ministerios de Salud, Agricultura y Medio Ambiente de Brasil. La participación de Brasil, país que ha adoptado e implementado la metodología de Mosaico en su contexto nacional y ha avanzado en la articulación intersectorial para la vigilancia de virus respiratorios, enriqueció la discusión técnica desde una perspectiva operativa. Este espacio técnico, de carácter exploratorio, contribuye al desarrollo conceptual de la iniciativa y fortalece la base técnica para el desarrollo de futuras orientaciones operativas en contextos reales.

Objetivo

La reunión tuvo como objetivo iniciar una discusión técnica sobre cómo las estrategias de vigilancia del sector de sanidad animal y medio ambiente pueden aportar información relevante para la detección temprana de virus respiratorios emergentes de interés para la salud pública. A partir del análisis de experiencias, el encuentro permitió visibilizar las distintas estrategias de vigilancia existentes e identificar necesidades prioritarias, generando un espacio de intercambio técnico para reflexionar sobre el potencial aporte de la vigilancia del sector animal y medio ambiente a la vigilancia basada en eventos en salud pública, como insumo para el desarrollo conceptual del Dominio 1 expandido del Marco Mosaico.

Experiencias presentadas

Implementación de los talleres del marco Mosaico en Brasil

La implementación del marco Mosaico en Brasil evidenció avances significativos en su adopción como herramienta para el análisis y fortalecimiento de los sistemas de vigilancia de virus respiratorios. A través de talleres nacionales y subnacionales desarrollados con metodologías participativas, se logró integrar a actores de atención clínica, vigilancia epidemiológica, respuesta a emergencias y programas específicos del Ministerio de Salud, incluyendo aquellos dirigidos a poblaciones indígenas.

Asimismo, el proceso permitió identificar áreas prioritarias para fortalecer la detección temprana. En este contexto, se destacó la necesidad de consolidar la vigilancia basada en eventos en los establecimientos de salud y comunidades, así como de avanzar en definiciones operativas claras de “evento inusual” y de zonas de alto riesgo, y desarrollar procedimientos operativos estándar para la VBE. También se identificó la oportunidad de fortalecer la vigilancia en poblaciones especiales, y profundizar la integración con laboratorios privados, universidades y los sectores de sanidad animal y medio ambiente, con el fin de ampliar las fuentes de información y fortalecer los mecanismos de alerta temprana en salud pública.

No obstante, se observó una brecha persistente en la integración entre la vigilancia humana, animal y de medio ambiente de los virus respiratorios, lo que limita la capacidad de detección temprana de virus zoonóticos y dificulta la implementación de acciones coordinadas entre sectores.

Aportes del sector de medio ambiente (ICMBio)

Desde el sector de medio ambiente, el Instituto Chico Mendes de la Biodiversidad (ICMBio) presentó experiencias relacionadas con la vigilancia en fauna silvestre, incluyendo el monitoreo de rutas de aves migratorias y residentes, así como sistemas de alerta temprana basados en reportes de mortalidad inusual en unidades de conservación, centros dedicados a la recepción, tratamiento y rehabilitación y liberación de fauna silvestres rescatada, incautada o entregada voluntariamente (CETAS y CRAS), centros de conservación de biodiversidad, playas y terminales petroeras monitoreadas mediante alianzas público-privadas, así como en otras áreas monitoreadas en colaboración con universidades.

La notificación de sospechas en fauna silvestre, además de las áreas monitoreadas por el ICMBio y por entidades asociadas, se fortalece mediante el uso del Sistema de Información en Salud Silvestre (SISS-Geo), un sistema de vigilancia ciudadana en el que cualquier persona puede reportar eventos inusuales en fauna silvestre. Con el surgimiento de brotes de influenza aviar en aves silvestres en el país, se realizaron esfuerzos importantes para adaptar los flujos de información y coordinar las acciones entre las instituciones nacionales responsables de la atención de las notificaciones.

Asimismo, ICMBio trabaja en conjunto con el Ministerio de Agricultura, Pecuaria y Abastecimiento (MAPA), aportando datos de la fauna silvestre para la definición de áreas de riesgo para influenza aviar y enfermedad de Newcastle. Además, los servidores de medioambiente que trabajan en las unidades de conservación fueron capacitados por los servicios veterinarios estatales para actuar en el control de focos en terreno.

El análisis de la superposición entre áreas de concentración de aves, unidades de conservación y poblaciones humanas residentes en esas zonas permitió identificar interfaces críticas para la posible transmisión de virus respiratorios zoonóticos, resaltando el valor de estos sistemas como fuentes complementarias de señales tempranas para la salud pública.

Estrategias de vigilancia en el sector de sanidad animal

Durante la sesión se discutió un conjunto amplio de estrategias de vigilancia implementadas en el sector de sanidad animal que generan información relevante para la detección temprana de virus respiratorios zoonóticos de interés para la salud pública. Estas estrategias reflejan enfoques ya existentes en la Región, con distintos niveles de madurez y estandarización, y constituyen un punto de partida para analizar su potencial contribución a la vigilancia basada en eventos en salud pública.

Como base de los sistemas de vigilancia, se destacó la vigilancia pasiva como un componente fundamental, sustentado en la notificación de eventos inusuales, es decir, cualquier sospecha de enfermedades monitoreadas por el servicio veterinario, tales como signos clínicos, aumentos de mortalidad, y cambios productivos en aves comerciales de grande y pequeña escala. Sin embargo, la producción de traspatio o subsistencia sigue siendo un punto desafiante para el fortalecimiento de la vigilancia pasiva y de la detección temprana, que demanda más articulación a nivel local para vigilancia comunitaria de los animales. Un ejemplo de una herramienta para fortalecer la articulación y transparencia de la vigilancia pasiva, es el tablero virtual del MAPA en Brasil, que cuenta con datos de las investigaciones por sospecha de influenza aviar en todo el territorio nacional y de los brotes activos o cerrados. Se subrayó la importancia del análisis de datos históricos de casos y brotes derivados de la vigilancia pasiva para comprender patrones epidemiológicos y factores de riesgo, y para apoyar intervenciones de alerta temprana.

En complemento, se abordó la vigilancia activa dirigida tanto para aves comerciales como de traspatio, particularmente en poblaciones y zonas consideradas de mayor riesgo, metodología elaborada en colaboración con el MAPA, ICMBio y PANAFTOSA-OPS/OMS. Este enfoque incluye muestreos planificados basados en riesgo, orientados a detectar circulación viral en la población animal y demostrar ausencia de exposición reciente al virus. Para definir el área epidemiológica del estudio se consideraron criterios relacionados con las características productivas de los municipios, por un lado, como la avicultura comercial y una importante presencia de granjas de pequeña escala, y por otro lado, criterios ecológicos, como la presencia recurrente de fauna silvestre de interés en el territorio, la localización de brotes de influenza aviar altamente patógena en los últimos años y la cercanía a la zona costera del país. En este marco, se discutió el muestreo de distintas matrices, como suero, así como leche y tanques de leche para ganado lechero, como ejemplos de vigilancia activa.

Discusión

Se discutieron enfoques de vigilancia basada en eventos (VBE) orientados a fortalecer la detección temprana mediante la captación de señales no estructuradas provenientes de productores, comunidades, veterinarios de campo y medios de comunicación, aún poco estructurados e implementados en el sector animal y ambiental en la mayoría de los países. Estos enfoques incluyen el uso de plataformas digitales de reporte, como aplicaciones móviles o web, formularios electrónicos, SMS y líneas telefónicas, así como alertas veterinarias y el monitoreo de medios. Estos mecanismos permiten captar señales tempranas desde el territorio y complementar la vigilancia basada en casos.

Entre las estrategias suplementarias, se abordó la vigilancia basada en riesgo, incluyendo el uso de modelos predictivos y análisis geoespacial para fortalecer la vigilancia y detección temprana en territorios y poblaciones con mayor probabilidad de ocurrencia semanal. También se discutió la vigilancia medio ambiental como un enfoque complementario para apoyar la detección temprana, particularmente en contextos de influenza aviar, mediante el monitoreo de ecosistemas, rutas de aves migratorias y sitios de concentración de biodiversidad, además del fortalecimiento de la vigilancia ciudadana.

La vigilancia genómica fue identificada como un componente clave para la caracterización de virus respiratorios zoonóticos, permitiendo el seguimiento de variantes, la detección de mutaciones relevantes y la identificación de posibles rutas de transmisión entre aves, mamíferos y humanos. Si bien su principal aporte se relaciona con la evaluación del riesgo y la toma de decisiones, su integración oportuna puede fortalecer la interpretación de señales tempranas.

Finalmente, se presentó la Evaluación Intersectorial de Riesgos (EVIR) como una herramienta suplementaria para el mapeo de rutas de transmisión y spillover en la interfaz humano-animal-ambiental, detección de flujos de transmisión de mayor riesgo, definición de roles de cada sector y fortalecimiento de actuación intersectorial de preparación y respuesta a eventos en el marco de "Una Sola Salud".

En conjunto, las estrategias discutidas evidencian la diversidad de herramientas disponibles en el sector animal y de medio ambiente, y su potencial complementariedad. Desde una perspectiva de salud pública, su contribución a la vigilancia basada en eventos depende del contexto epidemiológico, productivo y ecológico, así como de la existencia de mecanismos efectivos de comunicación e intercambio de información entre los sectores de sanidad animal, ambiente y salud humana.

Tabla. Mapeo de estrategias de vigilancia del sector animal con relevancia para la detección temprana

Estrategia de vigilancia	Poblaciones / contextos	Tipo de señal o aporte	Ejemplos de implementación	Relevancia potencial en salud pública
Vigilancia pasiva	Aves comerciales, traspatio y silvestres; porcinos; ganado lechero	Mortalidad inusual, signos clínicos, cambios productivos	Notificación obligatoria, reportes veterinarios, análisis de datos históricos de casos y brotes	Alta: principal fuente de señales tempranas inusuales
Vigilancia activa dirigida	Aves comerciales, traspatio, seleccionadas en función del riesgo, ganado lechero	Exposición de la población al virus y tendencias tempranas de circulación viral	Muestreo planificado, sistemático y periódico basado en riesgo o probabilístico de suero o leche por PCR	Moderada: confirma y contextualiza señales VBE
Vigilancia activa de poblaciones vacunadas	Aves comerciales vacunadas	Presencia o ausencia de circulación viral en poblaciones vacunadas	Muestro rutinario por PCR	Moderada: contribuye a la detección temprana en poblaciones que presentan menos señales clínicas
Vigilancia basada en eventos (VBE)	Productores, comunitaria, veterinarios de campo, medios	Señales no estructuradas de eventos inusuales	Aplicaciones móviles o web, SMS, líneas telefónicas, reportes comunitarios, alertas veterinarias, monitoreo de medios	Alta: clave para la detección temprana, con implementación limitada en los servicios veterinarios y de medio ambiente.
Vigilancia predictiva	Territorios y poblaciones en riesgo en tiempo real	Indicación de áreas y poblaciones en riesgo	Modelos predictivos, análisis espacial, monitoreo de áreas y factores de riesgo	Moderada: orienta la focalización de la VBE
Vigilancia de medio ambiente	Ecosistemas, rutas migratorias, humedales, zona costera, unidades de conservación	Detección de virus en fauna silvestre	Muestreo ambiental, monitoreo en humedales y sitios de congregación	Moderada: complementa la detección temprana, implementación incipiente
Vigilancia genómica	Aves, mamíferos y humanos	Identificación de variantes y relaciones filogenéticas	Secuenciación genómica y análisis filogenético	Indirecta: esencial para caracterización y evaluación de riesgo

Nota: Las estrategias consideradas esenciales (core) incluyen la vigilancia pasiva en sistemas de producción comercial, traspatio y aves silvestres, así como la vigilancia activa en poblaciones comerciales y de traspatio. Si el país practica vacunación, es esencial que el país realice una vigilancia planificada y periódica de la población vacunada con PCR. No obstante, la sensibilidad de estas estrategias varía según el contexto productivo y ecológico. En sistemas comerciales no vacunados, la vigilancia pasiva suele ser más eficaz para la detección oportuna de eventos y debe ser complementado por estudios de vigilancia activa, preferentemente basados en riesgo. En sistemas comerciales vacunados, la combinación de vigilancia pasiva y activa rutinaria resulta necesaria para mejorar la sensibilidad del sistema. En contextos de traspatio y en fauna silvestre, la vigilancia pasiva por sí sola es insuficiente, por la dificultad de monitorear la población silvestre de manera homogénea en el territorio nacional. En muchos países ese rol no está bien establecido y los recursos para esa finalidad son limitados, lo que se requiere la incorporación de estrategias suplementarias con socios estratégicos (ciudadanos, universidades, sector privado) para fortalecer la detección temprana.

Ejemplo de enfoque innovador de vigilancia predictiva basada en riesgo en el sector animal

Un ejemplo de enfoque de vigilancia predictiva basada en riesgo es el desarrollo participativo de una herramienta de mapeo predictivo en tiempo real para la influenza aviar en aves silvestres. Esta iniciativa, coordinada por el Center for Animal Health and Food Safety (CAHFS) de la Universidad de Minnesota y PANAFTOSA-OPS, con la participación de Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria de España (INIA) y el Organismo Internacional Regional de Sanidad Agropecuaria (OIRSA), y financiada por el Proyecto PROTECT (Fondo de Pandemia), integra datos geoespaciales de brotes de influenza aviar de alta patogenicidad, patrones migratorios y de hábitat de especies silvestres susceptibles, y factores de riesgo como información climática, áreas de importante biodiversidad, ecosistema de interés y presencia de humedales para emitir alertas semanales de regiones de mayor riesgo para la detección temprana de la enfermedad [1].

Adicionalmente, CAHFS y PANAFTOSA-OPS están coordinando la edición 2025/2026 del Programa Regional de Educación Sistemática de Servicios Veterinarios de Latinoamérica (ProgRESSVet_LATAM 2025/2026) que se focaliza en apoyar el enriquecimiento del desarrollo de esas herramientas de alerta temprana y vigilancia orientada al riesgo aplicados a la influenza aviar junto a los países con lo aporte de datos nacionales por un lado, y la planificación de estrategias para la incorporación de las alertas predictivas en sus sistemas nacionales de vigilancia. Este enfoque busca apoyar la emisión de alertas que identifican áreas de mayor riesgo y fortalecer la detección temprana de eventos, contribuyendo al fortalecimiento de las redes de vigilancia y a la toma de decisiones en sanidad animal y salud pública.

Conclusiones generales

La reunión destacó la importancia de fortalecer la detección y la alerta tempranas de virus respiratorios emergentes mediante una mejor integración de las estrategias de vigilancia de los sectores de la salud humana, la sanidad animal y de medio ambiente con los principios de la VBE. El Dominio I expandido del Marco Mosaico ofrece una oportunidad para avanzar progresivamente en esta integración y fortalecer la detección temprana y la preparación frente a amenazas respiratorias de origen zoonótico.

Próximos pasos

- Identificar y priorizar las estrategias de vigilancia del sector animal y medio ambiente que generan datos más relevantes para la vigilancia basada en eventos en salud pública.
- Desarrollar orientaciones operativas y SOPs intersectoriales para la integración efectiva de VBE en el marco de “Una Sola Salud”.

Referencia:

[1] Iglesias, I., Kanankege, K., Valencia, E.J., et al. (2021). *DiFLUtion: A new spatiotemporal early warning system for HPAI*. International Journal of Infectious Diseases, 116(2022), S101. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2021.11.310>



OPS

PANAFTOSA
Centro Panamericano de Fiebre Aftosa
y Salud Pública Veterinaria



SARInet plus
Red de infecciones respiratorias agudas graves

