Boletín Técnico

ACTUALIZACIÓN DE LA SITUACIÓN DE INFLUENZA AVIAR DE ALTA PATOGENICIDAD H5N1 DEL CLADO H5 2.3.4.4B

Grupo de Investigación en Microbiología y Epidemiología, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia

INTRODUCCIÓN

La Influenza Aviar de Alta Patogenicidad (IAAP) es una de las enfermedades más relevantes que afectan a aves domésticas y silvestres debido a su impacto económico, sanitario, ecosistémico y de salud pública. La IAAP es ocasionada por algunas cepas de los subtipos H5 y H7 del Virus de Influenza tipo A (Género: *Alphainfluenzavirus*; Familia: *Orthomyxoviridae*), que a través de la adquisición de mutaciones en la Hemaglutinina (HA), pueden establecer infecciones productivas de forma sistémica en diferentes órganos y tejidos de las aves (1). La infección sistémica resulta en mortalidades masivas además de síndromes neurológicos, hemorrágicos y viscerales (2). Aunque estas infecciones en humanos y otros mamíferos son poco frecuentes,, los virus de alta patogenicidad pueden ocasionar enfermedades graves con mortalidades cercanas al 50% (3).

La IAAP está clasificada como una enfermedad de control oficial por la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA), la cual recomienda como medida de control la erradicación de brotes mediante el sacrificio de aves enfermas y expuestas (2). Dado que los virus de alta patogenicidad suelen emerger en poblaciones de aves domésticas, las medidas de erradicación y control de focos han demostrado ser eficaces para lograr la eliminación de la mayoría de éstos (4). No obstante, la situación fue diferente en el caso de virus del subtipo H5N1 que emergieron en Asia en 1996, los cuales alcanzaron poblaciones de aves silvestres dando así origen al linaje A/goose/Guandong/1/1996-like (A/Gs/Gd/1996-like) y favoreciendo su diseminación a través de rutas migratorias por Asia, Europa y África. Como consecuencia de lo anterior, los virus descendientes del linaje fueron evolucionado a través de la acumulación de mutaciones y reordenamientos con virus de baja patogenicidad dando origen a múltiples clados y subtipos de H5Nx (Boletín Técnico #1). Aunque a lo largo del siglo XXI, múltiples clados del linaje A/Gs/Gd/1996-like han sido causantes de epidemias graves en aves en regiones geográficamente limitadas, sin embargo, en 2021, virus del clado H5 2.3.4.4b en particular empezaron a diseminarse alrededor del mundo alcanzando todos los continentes. Una vez los virus de este clado se diseminaron en nuevas regiones, se reordenaron y adquirieron nuevas propiedades tales como una aparente mayor capacidad de infección en mamíferos, lo que ha llevado al estatus de panzootia. Actualmente, el mundo continúa enfrentando desafíos para contener y controlar la diseminación del virus tanto en aves domésticas y silvestres como en mamíferos, incluidos los seres humanos.

EMERGENCIA Y CIRCULACIÓN DEL CLADO 2.3.4.4B

El clado de H5 2.3.4.4 apareció por primera vez en China a finales de los 2000s en aves domésticas (5). En la primera mitad de los 2010s, aparecieron virus reordenados en otros países de Asia siendo detectados posteriormente en Europa, África y Norteamérica (5–7). Debido a su amplia diseminación y circulación, el clado evolucionó de forma divergente dando origen a nuevos clados que fueron nombrados con letras (a-d). Las epidemias por el grupo 2.3.4.4b fueron reportados por primera vez en Corea del sur en 2014 a partir de virus del subtipo H5N8 que habían sido detectados previamente en China (8). El clado circuló principalmente en Asia oriental hasta 2016 cuando se reordenó con virus de baja patogenicidad y se diseminó hacia el norte del continente y luego hacia Europa (Figura 1A) (9).

El ingreso de virus del clado 2.3.4.4b a África, su evolución en ese continente y su posterior reintroducción a Eurasia resultó en la aparición de virus H5N8 y H5N1 que han ocasionado múltiples epidemias desde 2020 (Figura 1B) (9,10). La aparición de virus H5N1, como consecuencia de reordenamiento del H5N8 con virus de baja patogenicidad europeos mejoró su capacidad infectiva resultando en su dominancia en la región de Eurasia y África (10). Entre 2021 y2022, el subtipo H5N1 logró ingresar a Norteamérica atravesando el estrecho de Bering mediante una ruta transatlántica, dando lugar a la introducción de dos variantes del virus: una europea y una asiática (Figura 1C) (11,12). Pese a lo anterior, solo el virus de origen europeo parece haberse diseminado en la región y haberse reordenado con virus de baja patogenicidad locales. Estos reordenamientos dieron origen a nuevas variantes americanas que se diseminaron hasta alcanzar toda la región centro y suramericana (13).

Desde allí, el virus ha logrado incursionar por primera vez en el continente Antártico donde se ha reportado en aves y mamíferos silvestres (14).

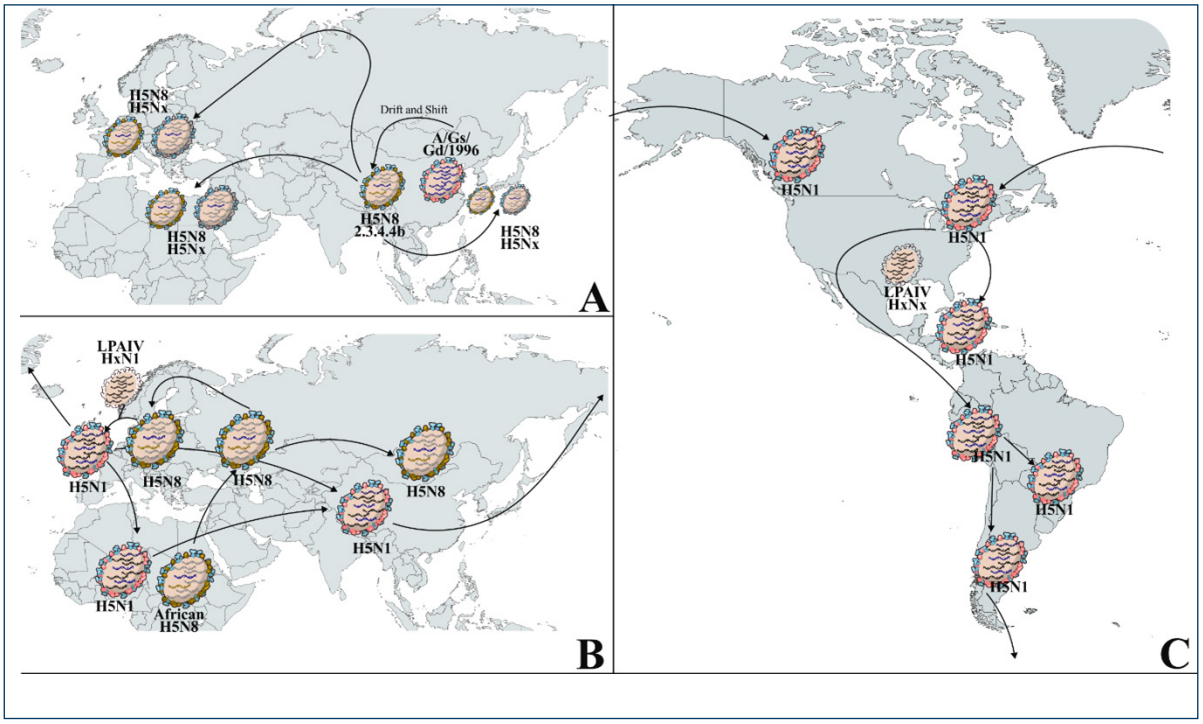

Figura 1. Emergencia y diseminación global del clado H5 2.3.4.4b del virus de Influenza aviar de alta patogenicidad. A: Aparición del clado 2.3.4.4b en China y expansión del subtipo H5N8, el cual posteriormente se reordenó con virus locales, dando lugar a virus H5Nx en el Viejo Mundo. B: Resurgimiento y reintroducción del subtipo H5N8 de origen africano en Europa y Asia, seguido de la emergencia de virus H5N1 en Europa como resultado del reordenamiento con virus de baja patogenicidad. C: Ingreso y diversificación del subtipo H5N1 en la región de las Américas y su posterior expansión hacia la región Antártica.

CLADO 2.3.4.4B EN EUROPA

El clado 2.3.4.4b ha sido responsable de al menos cuatro oleadas epidémicas en Europa. La primera coincide con la introducción del virus del subtipo H5N8 proveniente de Rusia y Mongolia, que alcanzó aves domésticas y silvestres de Alemania e Italia en 2016 (15,16). La introducción y posterior diseminación de este virus afectó a más de 20 países y ocasionó más de 2600 brotes (17).

La segunda ola fue la de 2020-2021, como resultado de la introducción de virus H5N8 de África que, una vez en Europa, sufrieron reordenamientos con virus de baja patogenicidad dando origen a diversos subtipos H5Nx. Como resultado de estos reordenamientos, emergió el H5N1 que se haría dominante en la siguiente ola estacional y las posteriores (10). La ola de 2020-2021 afectó a más de 30 países y resultó en la muerte de casi 23 millones de aves domésticas (17).

La ola epidémica que ocurrió entre octubre de 2021 y septiembre de 2022 (2021-2022) se considera una de las más grandes de los últimos años, ya que se generó una amplia diseminación del virus tanto intra como intercontinental, ocasionando hasta el doble de brotes en comparación a las olas anteriores. Adicionalmente, debido a ésto, el virus sufrió una considerable diversificación genética (18). Esta epidemia se caracterizó por picos de enfermedad en aves silvestres seguidos de brotes en aves domésticas, los cuales ocurrieron en diciembre, marzo y agosto (19). Durante este periodo se sacrificaron cerca de 50 millones de aves y los principales países afectados fueron del centro de Europa. De los más de 2.300 brotes, cerca del 60% se centraron en Francia. Otros países afectados fueron: Italia, Países Bajos, Alemania, Reino Unido e Irlanda (19–21). En aves silvestres, la mayoría de los casos ocurrieron en la región báltica con reportes en Dinamarca, Suecia y Alemania (19–21). Se considera que el H5N1 que circuló durante esta tercera ola se estableció de forma endémica en aves silvestres, cambiando el panorama epidemiológico del virus en este continente. Adicionalmente, se observó que este virus del subtipo H5N1 adquirió una mayor capacidad de saltar la barrera inter-especie, afectando frecuentemente mamíferos silvestres y domésticos al igual que humanos (Figura 2).

La severidad y el impacto de la epidemia de 2021-2022, su establecimiento de forma endémica en aves silvestres y la frecuente detección de casos en mamíferos fueron nuevos factores que debieron ser tenidos en cuenta para el control y la vigilancia del virus. Considerando que durante la ola muchos de los brotes en aves comerciales fueron el resultado de una alta transmisión entre granjas (23), los sistemas productivos implementaron estrategias de reducción de la densidad de aves en zonas de alto riesgo, particularmente de patos. De igual manera se buscó controlar la transmisión del virus al aumentar la separación de granjas comerciales de cuerpos de agua (24). Estas medidas fueron efectivas en aves domésticas; sin embargo, no lograron disminuir la circulación del virus en aves silvestres, donde permaneció hasta la siguiente ola de 2022-2023.

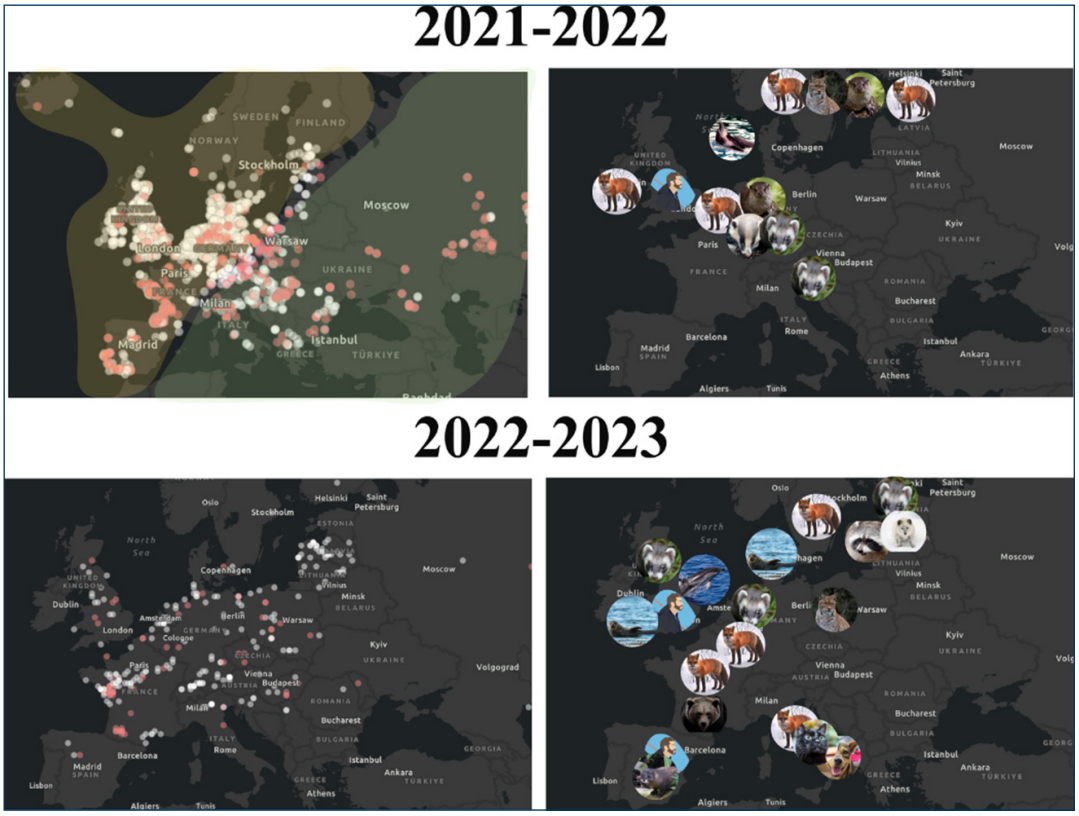

Figura 2. Brotes de Influenza Aviar de Alta Patogenicidad H5N1 2.3.4.4b en aves silvestres, domésticas y mamíferos durante las olas epidémicas de 2021-2022 y 2022-2023 en Europa. Adaptado de: DashFLUboard de la Universidad de Minnesota (Disponible en: https://cahfs.umn.edu/dashfluboard-avian-influenza-tracker) (19–22). Puntos blancos: Casos en aves silvestres; Puntos rojos: Brotes en aves domésticas. En el mapa de la ola 2021-2022 se resaltan las rutas migratorias por la cuales el virus se diseminó en el continente. Amarillo: Ruta del Mar Báltico; Verde: Ruta del Mar Mediterráneo/Mar Muerto. En los mapas también se muestran las especies en las que se detectó el virus.

El inicio de la cuarta oleada (2022-2023) se caracterizó por un cambio en la distribución del virus en aves silvestres, siendo detectado principalmente en gaviotas de cabeza negra, en las cuales se registraron mortalidades significativas. Al inicio de la estación, se notificaron 408 brotes en aves domésticas en 28 países, donde cerca de la mitad se dieron en Francia (25). Durante los primeros meses, se presentaron 1.138 brotes en aves silvestres y algunos casos en zorros, félidos y hurones (25) (Figura 2). Sin embargo, gracias a medidas como el aumento de los canales de reporte, la cuarentena de aves domésticas en zonas con actividad viral, medidas de bioseguridad más rígidas y controles estrictos en los programas de repoblación de zonas afectadas, los casos en aves domésticas disminuyeron significativamente. Entre 2022 y 2023, el país más afectado del continente fue Reino Unido, donde además de concentrarse la mayoría de los brotes, se presentaron casos en humanos (22). El virus se mantuvo en aves silvestres, en especial en las zonas costeras, desde donde se cree que ha sido transmitido con frecuencia a mamíferos silvestres y a criaderos de mamíferos como visones (22,26) (Figura 2). Siguiendo esta circulación costera del virus, se registraron casos en aves domésticas en Francia, Dinamarca, Países bajos y Suecia (22).

Con el fin de la ola 2022-2023, el patrón epidemiológico del virus en Europa parece haber cambiado. A partir del periodo 2023-2024, los casos en aves domésticas han sido poco frecuentes y en su mayoría han sido resultado de introducciones desde aves silvestres en lugar de transmisión entre granjas. El virus permanece en aves silvestres en las regiones costeras del océano Atlántico, el Mar del Norte y el Báltico (27,28). Los casos en aves domésticas se han limitado a Francia, Portugal, España, Reino Unido, Alemania, República Checa, Polonia y Dinamarca (27).

CLADO 2.3.4.4B EN ASIA

Aunque la emergencia del clado 2.3.4.4b se originó en China, la mayoría de los brotes y epidemias registrados en Asia durante gran parte de la década de 2010 fueron causados por virus de otros clados, como el 2.3.4.4a (8,10). Sin embargo, la reemergencia del clado 2.3.4.4b en Asia se hizo evidente durante la estación 2016-2017, cuando se detectaron virus del subtipo H5N8 en aves silvestres en Corea del Sur y otros países asiáticos (29). Estos virus H5N8 llegaron desde medio oriente, Europa y Rusia a través de rutas migratorias de aves silvestres y se mantuvieron en circulación constante, ocasionando brotes frecuentes como se observa en la Figura 3 (30,31). Una vez en Asia, el virus se diseminó en patos domésticos desde donde logró alcanzar los sistemas productivos de galliformes en 2020, marcando el inicio de las estaciones epidémicas del virus en la región (32).

Durante la estación de 2020-2021 se presentaron más de 240 brotes en aves domésticas en China, Japón y Corea del Sur (33). De manera similar a lo ocurrido en Europa, en Asia un nuevo subtipo H5N1 se haría dominante al terminar esta misma estación. Este nuevo virus fue el resultado de reordenamientos que ocurrieron en el continente de forma independiente a los que resultaron en la emergencia del H5N1 europeo (34). Desde 2020 hasta la última estación y 2023-2024 se registraron más de 740 brotes que resultaron en la muerte y el sacrificio de más de 54 millones de aves (33). Durante este periodo también se presentaron cerca de 10 casos de personas en China, Laos, Indonesia, India y Vietnam, al igual que infecciones en zorros y gatos (35–37). De estas epidemias, se considera que las más severas fueron las de 2020-2021 y 2022-2023.

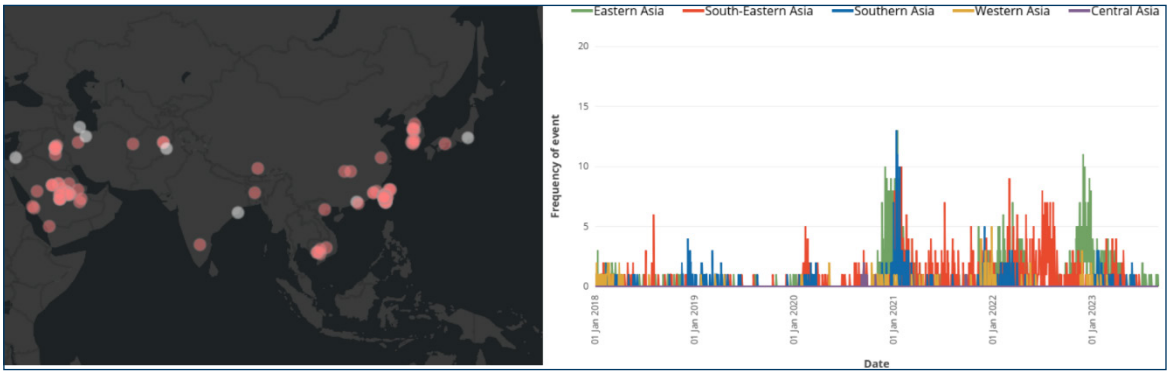

Figura 3. Brotes y frecuencia de detección de Influenza Aviar de Alta Patogenicidad H5Nx 2.3.4.4b en aves silvestres y domésticas en Asia entre 2018-2023. Adaptado de: DashFLUboard de la Universidad de Minnesota (Disponible en: https://cahfs.umn.edu/dashfluboard-avian-influenza-tracker) y EMPRES-i+ Global Animal Disease Information System (Disponible en: https://empres-i.apps.fao.org). Puntos blancos: Casos en aves silvestres; Puntos rojos: Brotes en aves domésticas.

CLADO 2.3.4.4B EN AMÉRICA

La llegada del clado 2.3.4.4b a América se produjo en 2021 por la migración de aves silvestres infectadas con virus del subtipo H5N1 provenientes de Europa y Asia, las cuales llegaron a Canadá y Estados Unidos (11,12).

Figura 4. Figura 4. Brotes y frecuencia de detección de Influenza Aviar de Alta Patogenicidad H5Nx 2.3.4.4b en Norteamérica. A la izquierda, focos en aves silvestres (puntos blancos), silvestres cautivas (puntos amarrillos) y domésticas (puntos rojos). En la imagen central se muestra en azul el número de casos registrados en bovinos y se señalan algunos de los principales mamíferos domésticos en los que se ha hecho detección. A la derecha, la frecuencia de detección del virus por país. Adaptado de: DashFLUboard de la Universidad de Minnesota (Disponible en: https://cahfs.umn.edu/dashfluboard-avian-influenza-tracker), EMPRES-i+ Global Animal Disease Information System (Disponible en: https://empres-i.apps.fao.org) y Animal and Plant Health Inspection Service Usda – APHIS (Disponible en: https://www.aphis.usda.gov/h5n1-hpai).

Pese a las dos incursiones del clado en el continente, la mayoría de los casos y detecciones han sido por cuenta del virus de origen europeo y reordenamientos de este con virus americanos (13), desencadenando un brote epidémico a comienzos de 2022, que ha afectado a más de 180 millones de aves domésticas en más de 200 establecimientos en Estados Unidos y Canadá (38,39). La epidemia aún no ha concluído, se han descrito "oleadas", de las cuales las más severa son las ocurridas en 2022-2023 y 2024-2025 debido al gran impacto en aves silvestres y domésticas, así mismo continúan las infecciones en mamíferos tanto silvestres como domésticos (figura 4) (40). Es de destacar también el surgimiento de virus reordenados en Norteamérica que ha dado lugar, por primera vez en el mundo, a su diseminación en bovinos, con casos reportados en al menos 17 estados de Estados Unidos, desde donde se ha transmitido a trabajadores y otros animales considerados como poco susceptibles (41,42). Todo esto ha encendido aún más las alarmas sanitarias debido al riesgo zoonótico del virus y su posible adaptación a mamíferos.

En el resto del continente americano la diseminación del clado se dio en 2022 por la migración de aves silvestres hacia Suramérica. Se considera que el virus ha sido introducido en la región latinoamericana en más de ocho ocasiones, la mayoría de las veces en Colombia (13). La mayor parte de estas incursiones han tenido una circulación limitada ocasionando brotes que, gracias a la implementación de medidas de erradicación y reforzamiento de las medidas de bioseguridad, han sido controlados y eliminados. Sin embargo, tras una introducción que se produjo en Perú, el virus parece haberse establecido en Suramérica alcanzando Chile, Brasil, Uruguay y Argentina (Figura 5) (13).

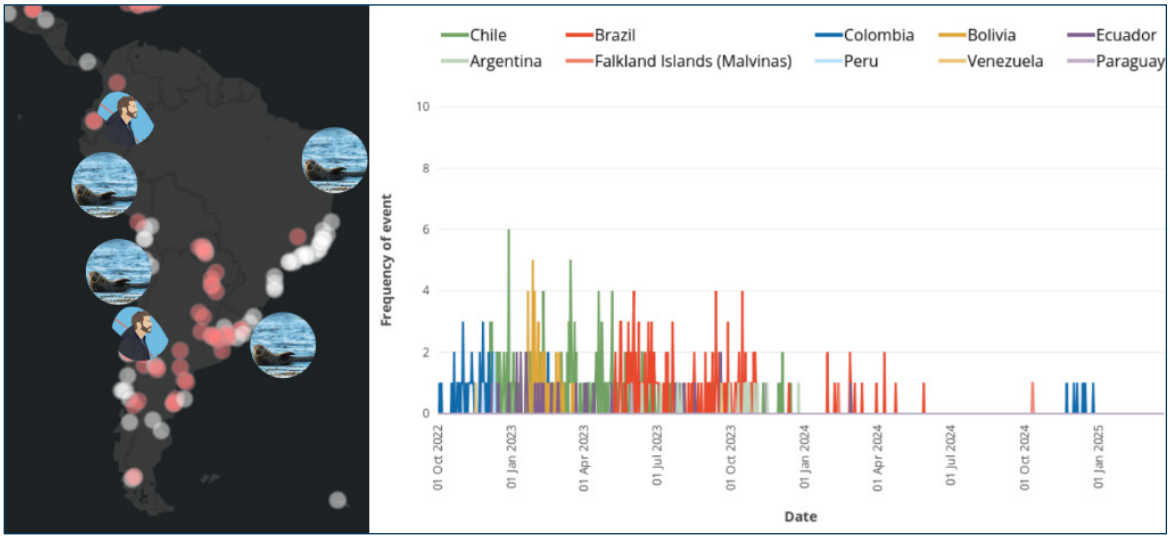

Figura 5. Brotes y frecuencia de detección de Influenza Aviar de Alta Patogenicidad H5Nx 2.3.4.4b en Suramérica. Adaptado de: DashFLUboard de la Universidad de Minnesota (Disponible en: https://cahfs.umn.edu/dashfluboard-avian-influenza-tracker) y EMPRES-i+ Global Animal Disease Information System (Disponible en: https://empres-i.apps.fao.org). Puntos blancos: Casos en aves silvestres; Puntos rojos: Brotes en aves domésticas.

En Colombia, el virus del subtipo H5N1 del clado 2.3.4.4.b fue introducido por primera vez en octubre de 2022, seguido por varias introducciones independientes que resultaron en más de 60 notificaciones, la mayoría en aves domésticas de traspatio (43). Gracias a los planes de erradicación y el fortalecimiento de las medidas de bioseguridad, todos los casos fueron controlados. A principios de 2025 en Colombia se detectaron nuevos brotes, igualmente en aves de traspatio, que fueron controlados, por lo cual el país continúa manteniendo el estatus de libre de IAAP (44). En Perú, el primer caso confirmado se dio en pelicanos a finales de 2022, desde entonces el virus ha sido notificado en aves domésticas de traspatio, comerciales y silvestres en 17 departamentos (45). Para 2025, se estima que el virus ha afectado a más de 30 mil animales entre aves domésticas, silvestres y leones marinos (45,46). En la actualidad, el virus ha sido reportado únicamente en aves de traspatio (45). En Chile, el virus ha estado circulando en aves silvestres desde finales de 2022 (47). Tras esta primera detección, se presentaron casos en aves de traspatio y comerciales al igual que en mamíferos acuáticos como leones marinos y nutrias (48). Los casos se presentaron hasta agosto de 2023 dejando un saldo de cerca de 1.5 millones de aves comerciales muertas o sacrificadas y un caso de infección zoonótica (49). Hoy en día, Chile es un país libre de IAAP en aves domésticas (49).

En Ecuador, los brotes por este clado también iniciaron a finales de 2022 y se mantuvieron hasta 2024. Durante este periodo se contabilizaron 27 casos de los cuales 10 fueron en aves domésticas comerciales y resultó en la muerte de 1.2 millones de aves (50). Al igual que en Chile, en Ecuador se presentó un caso de transmisión zoonótica. En Uruguay y Brasil, las incursiones iniciaron en 2023 y en ambos países se presentaron casos tanto en aves como en mamíferos silvestres (51–53). En Brasil se reportaron 166 brotes en aves silvestres, domésticas de traspatio y mamíferos, mientras que en Uruguay se reportaron 14 focos en aves domésticas de traspatio y silvestres y múltiples casos en leones marinos (54,55). En ambos países se considera que no hay casos activos actualmente. Finalmente, en Argentina se presentación casos desde 2023 en aves silvestres y domésticas, tanto comerciales como de traspatio, que llevaron a la pérdida de cerca de 1.7 millones de aves y más de 10 millones de dólares (56). En agosto, el país alcanzó el estatus de libre de IAAP; sin embargo, recientemente se detectó nuevamente un foco en aves de traspatio (57).

CLADO 2.3.4.4B EN OTRAS REGIONES DEL MUNDO

Otra parte del mundo donde el virus del clado 2.3.4.4b se ha diseminado recientemente es la región Antártica, donde ha ocasionado preocupación por su impacto en el ecosistema. El virus llegó al continente por la migración de aves desde Suramérica en 2023 y desde entonces ha ocasionado mortalidades importantes en aves silvestres y focas (58).

A la fecha de esta revisión, Oceanía se considera la única región del mundo donde no existe evidencia de la incursión del clado 2.3.4.4b. No obstante, países como Australia y Nueva Zelanda se mantienen alerta ante la circulación del virus en regiones cercanas del sureste de Asia (59,60).

MEDIDAS DE PREVENCIÓN Y CONTROL

Los recientes acontecimientos y los cambios en los patrones eco-epidemiológicos del virus en distintas regiones del mundo han impulsado la adopción de diversas medidas de prevención y control. Estas estrategias se han diseñado considerando el contexto regional, la disponibilidad de recursos, los sistemas de producción locales y la circulación del virus en aves silvestres. Sin embargo, la erradicación de brotes y el sacrificio sanitario en los sistemas de producción siguen siendo el principal objetivo a nivel global. Además de los planes de erradicación, todos los países han trabajado en el fortalecimiento de tres líneas de acción centrales: la vigilancia y la detección temprana del virus en aves silvestres, el fortalecimiento de la bioseguridad y la vacunación (Figura 6).

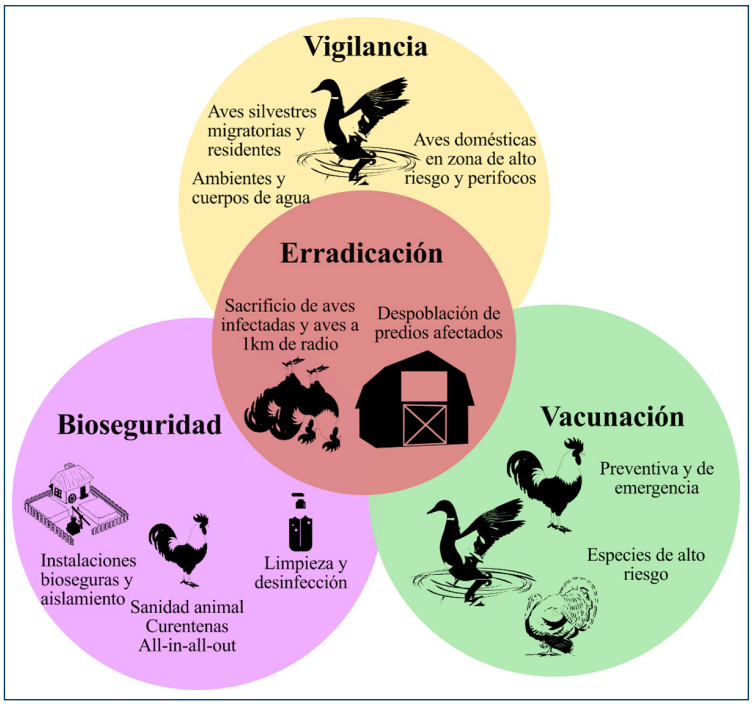

Figura 6. Principales medidas de control y prevención implementadas frente al virus.

Vigilancia y monitoreo del virus

La vigilancia y la detección temprana del virus en aves silvestres es clave para el control del virus, puesto que como ha sido ampliamente demostrado, la circulación del virus en estas especies antecede a los casos en aves de producción. Actualmente en Europa, los diferentes gobiernos junto a la Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria (EFSA) desarrollaron nuevos modelos de alerta temprana y de vigilancia en aves silvestres (61,62). Estos modelos consideran la endemicidad del virus en aves silvestres, incluyendo especies no migratorias, los episodios de mortalidad y datos virológicos que, en conjunto, optimizan la labor de vigilancia sin saturar los organismos de sanidad animal (24). De igual forma, se han establecido planes de vigilancia ambiental para la identificación de zonas de circulación viral. En América, los organismos nacionales de sanidad animal también establecieron diferentes protocolos de vigilancia epidemiológica teniendo en consideración la importancia de monitorear el virus en aves silvestres.

En Estados Unidos y Canadá, organismos como el Departamento de Agricultura (USDA) y el Sistema Canadiense de Vigilancia de la Influenza Aviar Notificable (CaNAISS) establecieron planes que contemplan la vigilancia activa del virus en aves silvestres acuáticas en cuerpos de agua priorizados y zonas de circulación viral, la vigilancia activa en aves para consumo, la vigilancia pasiva de eventos de mortalidad y el acceso en tiempo real a datos asociados con el virus para mejorar la respuesta regional (63,64).

Bioseguridad

Prevenir la introducción y diseminación del virus en sistemas de producción de aves siempre ha sido clave frente a la IAAP, por lo que los diferentes países han fortalecido las medidas de bioseguridad sobre todo en zonas de alto riesgo. En Europa, la principal medida de bioseguridad ha sido la reducción de la densidad de aves susceptibles a través de la despoblación, sobre todo de patos (24). En varios países de América, se ha trabajado en la capacitación de los productores y se han realizado visitas técnicas gratuitas para la evaluación y mejora de los protocolos de cada producción, llegando incluso a ofrecer subsidios para su implementación (65).

Vacunación

La vacunación frente a IAAP ha sido un tema de amplia discusión a nivel global, con argumentos a favor y en contra. Actualmente, los pocos países o regiones donde se ha aprobado el uso de la vacunación han enfatizado que esta medida es complementaria a las estretegias de erradicación, y que su principal beneficio es la reducción de las pérdidas económicas.

En Europa, estudios y análisis realizados por la EFSA han evidenciado limitaciones importantes frente a la autorización de la vacunación, relacionadas particularmente con la disponibilidad de biológicos que contemplen el escaso conocimiento de su efectividad en especies clave como patos y pavos (66). Adicionalmente, se evidenció que la mayoría de las vacunas producidas en Europa varían mucho respecto al virus circulante (66). Aun así la EFSA, tras realizar simulacros en Francia, Italia y Países Bajos, indicó el uso de protocolos preventivos en zonas de alto riesgo y protocolos de emergencia en zonas cercanas a brotes abarcando un radio de 3km (66). Gracias a esto, países como Francia iniciaron planes de vacunación en patos obteniendo una reducción significativa de casos en aves de producción (67). Pese a que la implementación de programas de vacunación parece prometedora, la EFSA alerta que su uso es complementario y tiene un impacto negativo en el diagnóstico y la vigilancia del virus, por lo que estos deben ajustarse para fortalecer la vigilancia activa y el diagnóstico basado en pruebas moleculares (67,68). En América, se han dado discusiones en torno a la autorización de la vacunación y se ha estado investigando en el desarrollo de nuevos biológicos (69). En este continente, los países que han autorizado la vacunación son México, Guatemala, Ecuador, Perú, Bolivia y Uruguay (70). Estos avances resaltan la importancia de seguir investigando en la caracterización del virus y el impacto de las estrategias de vacunación y control, asegurando que se mantenga un equilibrio entre prevención y monitoreo adecuado de la enfermedad.

REFERENCIAS RECOMENDADAS

1. Nao N, Yamagishi J, Miyamoto H, Igarashi M, Manzoor R, Ohnuma A, et al. Genetic predisposition to acquire a polybasic cleavage site for highly pathogenic avian influenza virus hemagglutinin. mBio [Internet]. 2017 Jan 1 [cited 2020 Sep 5];8(1). Available from: /pmc/articles/PMC5312086/?report=abstract
2. WOAH. Avian influenza (including infection with high pathogenicity avian influenza virus). In: WOAH, editor. WOAH Terrestrial Manual 2021. 2021. p. 1–28.
3. Pan American Health Organization, World Health Organization. Epidemiological Alert Human Cases of Avian Influenza A(H5N1) in the Americas Region [Internet]. Washington, D.C.; 2024 [cited 2025 Jan 23]. Available from: www.paho.org
4. Dhingra MS, Artois J, Dellicour S, Lemey P, Dauphin G, Von Dobschuetz S, et al. Geographical and historical patterns in the emergences of novel highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5 and H7 viruses in poultry. Front Vet Sci. 2018 Jun 5;5(JUN):84.
5. Zhao G, Gu X, Lu X, Pan J, Duan Z, Zhao K, et al. Novel Reassortant Highly Pathogenic H5N2 Avian Influenza Viruses in Poultry in China. PLoS One [Internet]. 2012 Sep 25 [cited 2025 Jan 23];7(9):e46183. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3458027/
6. Poen MJ, Venkatesh D, Bestebroer TM, Vuong O, Scheuer RD, Oude Munnink BB, et al. Co-circulation of genetically distinct highly pathogenic avian influenza A clade 2.3.4.4 (H5N6) viruses in wild waterfowl and poultry in Europe and East Asia, 2017–18. Virus Evol [Internet]. 2019 Jan 1 [cited 2025 Jan 23];5(1):vez004. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6476160/
7. Lee DH, Torchetti MK, Winker K, Ip HS, Song CS, Swayne DE. Intercontinental Spread of Asian-Origin H5N8 to North America through Beringia by Migratory Birds. J Virol [Internet]. 2015 Jun 6 [cited 2023 Nov 4];89(12):6521. Available from: /pmc/articles/PMC4474297/
8. Lee YJ, Kang HM, Lee EK, Song BM, Jeong J, Kwon YK, et al. Novel Reassortant Influenza A(H5N8) Viruses, South Korea, 2014. Emerg Infect Dis [Internet]. 2014 [cited 2025 Jan 23];20(6):1087. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4036756/
9. Lee DH, Bertran K, Kwon JH, Swayne DE. Evolution, global spread, and pathogenicity of highly pathogenic avian influenza H5Nx clade 2.3.4.4. J Vet Sci [Internet]. 2017 [cited 2025 Jan 23];18(Suppl 1):269. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC5583414/
10. Xie R, Edwards KM, Wille M, Wei X, Wong SS, Zanin M, et al. The episodic resurgence of highly pathogenic avian influenza H5 virus. Nature [Internet]. 2023 Oct 18 [cited 2025 Jan 23];622(7984):810–7. Available from: https://www.nature.com/articles/s41586-023-06631-2
11. Alkie TN, Lopes S, Hisanaga T, Xu W, Suderman M, Koziuk J, et al. A threat from both sides: Multiple introductions of genetically distinct H5 HPAI viruses into Canada via both East Asia-Australasia/Pacific and Atlantic flyways. Virus Evol [Internet]. 2022 Dec 30 [cited 2023 Feb 5];8(2). Available from: https://academic.oup.com/ve/article/8/2/veac077/6675431
12. Günther A, Krone O, Svansson V, Pohlmann A, King J, Hallgrimsson GT, et al. Iceland as Stepping Stone for Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus between Europe and North America. Emerg Infect Dis [Internet]. 2022 Dec 1 [cited 2023 Nov 29];28(12):2383. Available from: /pmc/articles/PMC9707596/
13. Ospina-Jimenez AF, Gomez AP, Osorio-Zambrano WF, Alvarez-Munoz S, Ramirez-Nieto GC. Sequence-based epitope mapping of high pathogenicity avian influenza H5 clade 2.3.4.4b in Latin America. Front Vet Sci [Internet]. 2024 Apr 29 [cited 2024 Jul 30];11:1347509. Available from: http://itol.embl.de
14. Banyard AC, Bennison A, Byrne AMP, Reid SM, Lynton-Jenkins JG, Mollett B, et al. Detection and spread of high pathogenicity avian influenza virus H5N1 in the Antarctic Region. Nat Commun [Internet]. 2024 Sep 3 [cited 2025 Jan 26];15(1):1–11. Available from: https://www.nature.com/articles/s41467-024-51490-8
15. Fusaro A, Monne I, Mulatti P, Zecchin B, Bonfanti L, Ormelli S, et al. Genetic Diversity of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N8/H5N5) Viruses in Italy, 2016–17. Emerg Infect Dis [Internet]. 2017 Sep 1 [cited 2025 Jan 28];23(9):1543. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC5572881/
16. Pohlmann A, Starick E, Harder T, Grund C, Höper D, Globig A, et al. Outbreaks among Wild Birds and Domestic Poultry Caused by Reassorted Influenza A(H5N8) Clade 2.3.4.4 Viruses, Germany, 2016. Emerg Infect Dis [Internet]. 2017 Apr 1 [cited 2025 Jan 28];23(4):633. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC5367393/

17. Authority EFS, Control EC for DP and, influenza EURL for A, Brown I, Mulatti P, Smietanka K, et al. Avian influenza overview October 2016–August 2017. EFSA Journal [Internet]. 2017 Oct 16 [cited 2025 Jan 28];15(10):e05018. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7009863/

18. Fusaro A, Zecchin B, Giussani E, Palumbo E, Agüero-García M, Bachofen C, et al. High pathogenic avian influenza A(H5) viruses of clade 2.3.4.4b in Europe—Why trends of virus evolution are more difficult to predict. Virus Evol [Internet]. 2024 Oct 17 [cited 2025 Mar 1];10(1):73. Available from: https://dx.doi.org/10.1093/ve/veae027

19. Food Safety Authority E, Adlhoch C, Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, Marangon S, et al. Avian influenza overview June – September 2022. EFSA Journal [Internet]. 2022 Oct 1 [cited 2025 Feb 4];20(10):e07597. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9552036/

20. Adlhoch C, Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, Marangon S, Niqueux É, et al. Avian influenza overview September – December 2021. EFSA Journal [Internet]. 2021 Dec 1 [cited 2025 Feb 4];19(12). Available from: https://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/pub/7108

21. Adlhoch C, Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, Marangon S, Niqueux É, et al. Avian influenza overview December 2021 – March 2022. EFSA Journal [Internet]. 2022 Apr 1 [cited 2025 Feb 4];20(4). Available from: https://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/pub/7289

22. Adlhoch C, Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, Mirinavičiūtė G, Niqueux É, et al. Avian influenza overview June–September 2023. EFSA Journal [Internet]. 2023 Oct 1 [cited 2025 Mar 1];21(10):e08328. Available from: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2903/j.efsa.2023.8328

23. Lambert S, Durand B, Andraud M, Delacourt R, Scoizec A, Le Bouquin S, et al. Two major epidemics of highly pathogenic avian influenza virus H5N8 and H5N1 in domestic poultry in France, 2020–2022. Transbound Emerg Dis [Internet]. 2022 Nov 1 [cited 2025 Mar 1];69(6):3160–6. Available from: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/tbed.14722

24. Scoizec A, Niqueux E, Schmitz A, Grasland B, Palumbo L, Huneau-Salaün A, et al. New Patterns for Highly Pathogenic Avian Influenza and Adjustment of Prevention, Control and Surveillance Strategies: The Example of France. Viruses [Internet]. 2024 Jan 10 [cited 2025 Mar 1];16(1):101. Available from: https://www.mdpi.com/1999-4915/16/1/101/htm

25. Adlhoch C, Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, Marangon S, Mirinaviciute G, et al. Avian influenza overview December 2022 – March 2023. EFSA Journal [Internet]. 2023 Mar 1 [cited 2025 Mar 1];21(3):e07917. Available from: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2903/j.efsa.2023.7917

26. Agüero M, Monne I, Sánchez A, Zecchin B, Fusaro A, José Ruano M, et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection in farmed minks, Spain, October 2022. Eurosurveillance [Internet]. 2023 Jan 19 [cited 2025 Mar 1];28(3):2300001. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9853945/

27. European Food Safety Authority EC for DP and CEURL for AI, Alexakis L, Buczkowski H, Ducatez M, Fusaro A, Gonzales JL, et al. Avian influenza overview June–September 2024. EFSA Journal [Internet]. 2024 Oct [cited 2025 Mar 8];22(10):e9057. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11492803/

28. Adlhoch C, Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, Mirinavičiūtė G, Niqueux É, et al. Avian influenza overview September–December 2023. EFSA Journal [Internet]. 2023 Dec 1 [cited 2025 Mar 8];21(12). Available from: https://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/pub/8539

29. Kim Y Il, Park SJ, Kwon H Il, Kim EH, Si YJ, Jeong JH, et al. Genetic and phylogenetic characterizations of a novel genotype of highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N8 viruses in 2016/2017 in South Korea. Infection, Genetics and Evolution. 2017 Sep 1;53:56–67.

30. Isoda N, Twabela AT, Bazarragchaa E, Ogasawara K, Hayashi H, Wang ZJ, et al. Re-Invasion of H5N8 High Pathogenicity Avian Influenza Virus Clade 2.3.4.4b in Hokkaido, Japan, 2020. Viruses [Internet]. 2020 Dec 14 [cited 2025 Mar 14];12(12):1439. Available from: https://www.mdpi.com/1999-4915/12/12/1439/htm

31. Li J, Zhang C, Cao J, Yang Y, Dong H, Cui Y, et al. Re-emergence of H5N8 highly pathogenic avian influenza virus in wild birds, China. Emerg Microbes Infect [Internet]. 2021 Jan 1 [cited 2025 Mar 14];10(1):1819–23. Available from: https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/22221751.2021.1968317

32. Baek YG, Lee YN, Lee DH, Shin JI, Lee JH, Chung DH, et al. Multiple Reassortants of H5N8 Clade 2.3.4.4b Highly Pathogenic Avian Influenza Viruses Detected in South Korea during the Winter of 2020–2021. Viruses [Internet]. 2021 Mar 16 [cited 2025 Mar 14];13(3):490. Available from: https://www.mdpi.com/1999-4915/13/3/490/htm
33. WOAH. 2025. [cited 2025 Mar 14]. WAHIS. Available from: https://wahis.woah.org/#/home
34. Sagong M, Lee YN, Song S, Cha RM, Lee EK, Kang YM, et al. Emergence of clade 2.3.4.4b novel reassortant H5N1 high pathogenicity avian influenza virus in South Korea during late 2021. Transbound Emerg Dis [Internet]. 2022 Sep 1 [cited 2025 Mar 14];69(5):e3255–60. Available from: https://wiley.unalproxy.elogim.com/doi/full/10.1111/tbed.14551
35. WHO. Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003-2024, 26 February 2024. 2024 [cited 2025 Mar 14]. Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003-2024, 26 February 2024. Available from: https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a(h5n1)-reported-to-who--2003-2024-26-february-2024
36. Kang YM, Heo GB, An SH, Lee H, Park E, Cha RM, et al. Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus Infection in Cats, South Korea, 2023 - Volume 30, Number 12—December 2024 - Emerging Infectious Diseases journal - CDC. Emerg Infect Dis [Internet]. 2024 Dec 1 [cited 2025 Mar 14];30(12):2510–20. Available from: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/30/12/24-0154_article
37. Hew LY, Isoda N, Takaya F, Ogasawara K, Kobayashi D, Huynh LT, et al. Continuous Introduction of H5 High Pathogenicity Avian Influenza Viruses in Hokkaido, Japan: Characterization of Viruses Isolated in Winter 2022–2023 and Early Winter 2023–2024. Transbound Emerg Dis [Internet]. 2024 Jan 1 [cited 2025 Mar 14];2024(1):1199876. Available from: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1155/2024/1199876
38. Canadian Food Inspection Agency. Reportable Avian Influenza in Domestic Birds. 2025 [cited 2025 Mar 14]. Reportable Avian Influenza in Domestic Birds. Available from: https://app.powerbi.com/w?r=eyJrIjoiMGZkNGRmZmQtNzg1My00ZmYxLTkzMTgtMWViNjg0MTBhYjRhIiwidCI6IjE4YjVhNWVkLTFkODYtNDFkMy05NGEwLWJjMjdkYWUzMmFiMiJ9
39. USDA. Confirmations of Highly Pathogenic Avian Influenza in Commercial and Backyard Flocks. 2024 [cited 2025 Mar 14]. Confirmations of Highly Pathogenic Avian Influenza in Commercial and Backyard Flocks | Animal and Plant Health Inspection Service. Available from: https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/commercial-backyard-flocks
40. Russell SL, Andrew CL, Yang KC, Coombe M, McGregor G, Redford T, et al. Descriptive epidemiology and phylogenetic analysis of highly pathogenic avian influenza H5N1 clade 2.3.4.4b in British Columbia (B.C.) and the Yukon, Canada, September 2022 to June 2023. Emerg Microbes Infect [Internet]. 2024 Dec 31 [cited 2025 Mar 21]; Available from: https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/22221751.2024.2392667
41. USDA. HPAI Confirmed Cases in Livestock. 2025 [cited 2025 Mar 21]. HPAI Confirmed Cases in Livestock | Animal and Plant Health Inspection Service. Available from: https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/hpai-confirmed-cases-livestock
42. Uyeki TM, Milton S, Abdul Hamid C, Reinoso Webb C, Presley SM, Shetty V, et al. Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus Infection in a Dairy Farm Worker. New England Journal of Medicine [Internet]. 2024 Jun 6 [cited 2025 Mar 21];390(21):2028–9. Available from: https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMc2405371
43. Paternina D, Herazo R, Oviedo M, Mattar S. Dramatic re-emergence of avian influenza in Colombia and Latin America. Travel Med Infect Dis. 2024 May 1;59:102711.
44. FENAVI - Federación Nacional de Avicultores de Colombia. Boletín Sanitario Avícola No. 60 [Internet]. 2025 [cited 2025 Mar 21]. Available from: https://fenavi.org/publicaciones-programa-tecnico/boletin-sanitario/boletin-sanitario-no-60-feb-2025/
45. Centro Nacional de Epidemiología P y C de E. Influenza aviar AH5. 2025.
46. Sevilla N, Lizarraga W, Jimenez-Vasquez V, Hurtado V, Molina IS, Huarca L, et al. Highly pathogenic avian influenza A (H5N1) virus outbreak in Peru in 2022–2023. Infectious Medicine. 2024 Jun 1;3(2):100108.
47. Jimenez-Bluhm P, Siegers JY, Tan S, Sharp B, Freiden P, Johow M, et al. Detection and phylogenetic analysis of highly pathogenic A/H5N1 avian influenza clade 2.3.4.4b virus in Chile, 2022. Emerg Microbes Infect [Internet]. 2023 Dec 8 [cited 2023 Nov 5];12(2). Available from: https://www-tandfonline-com.ezproxy.unal.edu.co/doi/abs/10.1080/22221751.2023.2220569

48. de Carvalho Araujo A, Cho AY, Silva LMN, Corrêa TC, de Souza GC, Albuquerque AS, et al. Mortality in sea lions is associated with the introduction of the H5N1 clade 2.3.4.4b virus in Brazil October 2023: whole genome sequencing and phylogenetic analysis. BMC Vet Res [Internet]. 2024 Dec 1 [cited 2025 Mar 21];20(1):1–8. Available from: https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12917-024-04137-1
49. Fuentes Molina O. Situación de la Influenza Aviar en Chile, 2023 [Internet]. 2024 [cited 2025 Mar 21]. Available from: www.odepa.gob.cl
50. Bruno A, de Mora D, Olmedo M, Garcés J, Vélez A, Alfaro-Núñez A, et al. Highly Pathogenic Avian Influenza A (H5N1) Virus Outbreak in Ecuador in 2022–2024. Curr Infect Dis Rep [Internet]. 2024 Dec 1 [cited 2025 Mar 21];26(12):245–53. Available from: https://link.springer.com/article/10.1007/s11908-024-00849-5
51. Marandino A, Tomás G, Panzera Y, Leizagoyen C, Pérez R, Bassetti L, et al. Spreading of the High-Pathogenicity Avian Influenza (H5N1) Virus of Clade 2.3.4.4b into Uruguay. Viruses [Internet]. 2023 Sep 11 [cited 2023 Nov 5];15(9):1906. Available from: https://www.mdpi.com/1999-4915/15/9/1906/htm
52. Tomás G, Marandino A, Panzera Y, Rodríguez S, Wallau GL, Dezordi FZ, et al. Highly pathogenic avian influenza H5N1 virus infections in pinnipeds and seabirds in Uruguay: Implications for bird–mammal transmission in South America. Virus Evol [Internet]. 2024 Oct 17 [cited 2025 Mar 21];10(1). Available from: https://dx.doi.org/10.1093/ve/veae031
53. de Araújo AC, Silva LMN, Cho AY, Repenning M, Amgarten D, de Moraes AP, et al. Incursion of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus, Brazil, 2023. Emerg Infect Dis [Internet]. 2024 Mar 1 [cited 2025 Mar 21];30(3):619–21. Available from: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/30/3/23-1157_article
54. Ministério da Agricultura e Pecuária. Síndrome Respiratória e Nervosa das Aves. 2022 [cited 2025 Mar 21]. Síndrome Respiratória e Nervosa das Aves (SRN) - mashup. Available from: https://mapa-indicadores.agricultura.gov.br/publico/extensions/SRN/SRN.html
55. SINAE. Influenza Aviar: La situación en Uruguay. 2023 [cited 2025 Mar 21]. Influenza Aviar: La situación en Uruguay. Available from: https://www.gub.uy/sistema-nacional-emergencias/politicas-y-gestion/situacion-uruguay
56. Vagnozzi AE. Review of the Highly Pathogenic Avian Influenza in Argentina in 2023: Chronicle of Its Emergence and Control in Poultry. Pathogens [Internet]. 2024 Sep 1 [cited 2025 Mar 21];13(9):810. Available from: https://www.mdpi.com/2076-0817/13/9/810/htm
57. SENASA. Comunicación Epidemiológica [Internet]. 2025 [cited 2025 Mar 21]. Available from: www.argentina.gob.ar/sites/default/files/informe_ve_2023.pdf
58. Banyard AC, Bennison A, Byrne AMP, Reid SM, Lynton-Jenkins JG, Mollett B, et al. Detection and spread of high pathogenicity avian influenza virus H5N1 in the Antarctic Region. Nat Commun [Internet]. 2024 Sep 3 [cited 2025 Mar 23];15(1):1–11. Available from: https://www.nature.com/articles/s41467-024-51490-8
59. Wille M, Atkinson R, Barr IG, Burgoyne C, Bond AL, Boyle D, et al. Long-Distance Avian Migrants Fail to Bring 2.3.4.4b HPAI H5N1 Into Australia for a Second Year in a Row. Influenza Other Respir Viruses [Internet]. 2024 Apr 1 [cited 2025 Mar 23];18(4):e13281. Available from: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/irv.13281
60. Airey M, Short KR. High pathogenicity avian influenza in Australia and beyond: could avian influenza cause the next human pandemic? Microbiol Aust [Internet]. 2024 Aug 19 [cited 2025 Mar 23]; Available from: https://www.publish.csiro.au/ma/MA24040
61. Gargallo G, Davies JG, Faverjon C, Kampichler C, Baillie SR, Cameron A, et al. Development of a prototype early warning system for avian influenza in the EU based on risk-mapping. EFSA Supporting Publications [Internet]. 2022 Dec 16 [cited 2025 Mar 23];19(12). Available from: https://www.efsa.europa.eu/en/supporting/pub/en-7762
62. Waldenström J, Toor M van, Lewis N, Lopes S, Javakhishvili Z, Muzika D, et al. Active wild bird surveillance of avian influenza viruses, a report. EFSA Supporting Publications [Internet]. 2022 Dec 1 [cited 2025 Mar 23];19(12):7791E. Available from: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2903/sp.efsa.2022.EN-7791
63. USDA. Implementation Plan for Avian Influenza Surveillance in Waterfowl in the United States. 2024 Jul.

64. Government of Canada. Avian influenza surveillance. 2022 [cited 2025 Mar 29]. Avian influenza surveillance . Available from: https://inspection.canada.ca/en/animal-health/terrestrial-animals/diseases/reportable/avian-influenza/avian-influenza-surveillance
65. USDA. Biosecurity Assessments. 2025 [cited 2025 Mar 29]. Biosecurity Assessments. Available from: https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-poultry/biosecurity-assessments
66. Nielsen SS, Alvarez J, Bicout DJ, Calistri P, Canali E, Drewe JA, et al. Vaccination of poultry against highly pathogenic avian influenza – part 1. Available vaccines and vaccination strategies. EFSA Journal [Internet]. 2023 Oct 1 [cited 2025 Mar 23];21(10):e08271. Available from: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2903/j.efsa.2023.8271
67. Planchand S, Vergne T, Guérin JL, Rautureau S, Gerbier G, Lambert S. Surveillance Strategy in Duck Flocks Vaccinated against Highly Pathogenic Avian Influenza Virus. Emerg Infect Dis [Internet]. 2025 Jan 1 [cited 2025 Mar 29];31(1):115. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11682810/
68. Nielsen SS, Alvarez J, Bicout DJ, Calistri P, Canali E, Drewe JA, et al. Vaccination of poultry against highly pathogenic avian influenza – Part 2. Surveillance and mitigation measures. EFSA Journal [Internet]. 2024 Apr 1 [cited 2025 Mar 29];22(4):e8755. Available from: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2903/j.efsa.2024.8755
69. Government of Canada. Highly Pathogenic Avian Influenza Vaccination Task Force Related links Avian influenza (bird flu) Latest bird flu situation in Canada Detections of highly pathogenic avian influenza in Canada. 2024 [cited 2025 Mar 29]. Highly Pathogenic Avian Influenza Vaccination Task Force. Available from: https://inspection.canada.ca/en/animal-health/terrestrial-animals/diseases/reportable/avian-influenza/vaccination
70. Swayne DE, Sims LD, Brown I, Harder T, Stegeman A, Abolnik C, et al. Strategic challenges in the global control of high pathogenicity avian influenza. Rev Sci Tech. 2024 Dec 1;Edition:89–102.

© 2025 Hy-Line International